



Agro-Montpellier INRA  
2, place Viala  
34060 Montpellier

ACADÉMIE DE MONTPELLIER

UNIVERSITÉ MONTPELLIER II  
(Sciences et Techniques du Languedoc)



Avenue agropolis  
34398 Montpellier

D.E.S.S  
MÉTHODES STATISTIQUES DES INDUSTRIES AGRONOMIQUES,  
AGROALIMENTAIRES ET PHARMACEUTIQUES

**ANALYSE DE L'ARCHITECTURE ET  
COMPARAISON DE DEUX CLONES D'HÉVEA  
(*Hevea brasiliensis*) GT1-PB235.**

**Par Jacqueline MILET**



**Stage effectué du 26 février 2001 au 25 août 2001**

Sous la direction de **Evelyne Costes** INRA Arboriculture fruitière  
et **Christian Cilas** CIRAD-CP

ACADÉMIE DE MONTPELLIER

UNIVERSITÉ MONTPELLIER II  
(Sciences et Techniques du Languedoc)

D.E.S.S  
MÉTHODES STATISTIQUES DES INDUSTRIES AGRONOMIQUES,  
AGROALIMENTAIRES ET PHARMACEUTIQUES

**ANALYSE DE L'ARCHITECTURE ET  
COMPARAISON DE DEUX CLONES D'HÉVEA  
(*Hevea brasiliensis*) GT1-PB235.**

**Par Jacqueline MILET**

**Stage effectué du 26 février 2001 au 25 août 2001**

Sous la direction de **Evelyne Costes** INRA Arboriculture fruitière  
et **Christian Cilas** CIRAD-CP

## **REMERCIEMENTS**

Je remercie tout d'abord Evelyne Costes et Christian Cilas de m'avoir confié cette étude. Pour une première expérience en tant que 'bio-statisticienne', cette étude était pour le moins peu classique, mais avec un peu de patience et de sens pratique (merci Christian) elle s'est finalement révélée très intéressante et m'a beaucoup appris. Et j'ai particulièrement apprécié la liberté dont j'ai pu disposer quant à la manière de traiter les données.

Je remercie les équipes de l'unité Arboriculture fruitière de l'INRA et du PS1 du CIRAD pour leur accueil chaleureux.

Je remercie Albert Flori et François Bonnot pour leur disponibilité pour répondre à mes questions et André Clément-Demange pour toute la documentation sur l'hévéa.

Merci aussi à Peninna, ma très sympathique collègue durant deux mois au Cirad, et à Bertrand pour ces précieux renseignements.

Enfin, merci à Sophie, Guillaume et Béné qui ont aussi participé indirectement à cette étude.

# SOMMAIRE

I. INTRODUCTION	1
Généralités	3
1- Architecture des plantes et modélisation	3
2- Hypothèses sur l'origine de la casse au vent de l'hévéa	4
II. MATERIEL ET METHODES	7
II.-1 Le matériel végétal	7
1-1- L'hévéa	7
1-2- L'hévéa en plantation	7
1-3- Présentation des deux clones	8
1-4- Les arbres décrits	8
II.-2 Organisation des bases de données	10
2-1- Les données topologiques	10
2-2- Les données géométriques	10
2-3- Le codage des données	11
2-4- Constitution des fichiers de données	11
2-5- La représentation multi-niveaux (MTG)	12
II.3 Extraction des données	13
3-1- Les entités	13
3-1-1- Les entités par arbre	13
3-1-2- Les échantillons d'entités pour la construction des tableaux	14
3-2- Les caractères architecturaux	15
3-3- Les tableaux extraits	16
II.-4 Méthodes statistiques	18
4-1- Analyse descriptive	18
4-1-1- Rapport tronc/couronne	18
4-1-2- Estimation du volume de bois	18
4-1-3- Les systèmes ramifiés périphériques	20
4-2- Les modèles	20
4-2-1- Analyse de la variance	21
4-2-2- Régression logistique	24
4-3- Les tests	25
4-3-1- Comparaison de deux moyennes	25
4-3-2- Comparaison de deux proportions	26
4-3-3- Comparaison de deux distributions	26
4-3-4- Comparaison multiple des moyennes	26

III. RESULTATS	28
III.-1 Résultats de l'analyse descriptive	28
1-1- Rapport tronc/couronne	28
1-2- Répartition des masses le long du tronc	28
1-3- Volume de bois	30
1-4- Les systèmes ramifiés périphériques	34
III.-2 Les modèles	36
2-1- Analyses de la variance à deux facteurs	36
2-2- Résultats de la modélisation	36
2-2-1- Analyse de la variance	36
2-2-2- Régression logistique	40
III.-3 Les tests	41
3-1- Comparaison des longueurs des UC du tronc	41
3-2- Systèmes ramifiés périphériques	41
3-2-1- Comparaison des proportions des catégories d'axes	41
3-2-2- Comparaison multiple des moyennes	42
IV. DISCUSSION	43
1- Analyse descriptive	43
2- Modélisation des caractères architecturaux	44
V. CONCLUSION	45
RÉFÉRENCES BIBLIOGRAPHIQUES	46
ANNEXES	48



Plantation d'hévéa adulte à la station de Bimbresso en Côte d'Ivoire.



Le latex est récupéré au niveau de l'écorce du tronc par une incision, appelée saignée.



## I. INTRODUCTION

L'hévéa est un arbre tropical originaire de la forêt amazonienne. Le genre *Hevea*, de la famille des Euphorbiacées, comprend dix espèces qui se seraient différenciées au cours de l'évolution de la forêt depuis cent mille ans (Clément-Demange et al., 1997). Leur aire de répartition naturelle couvre aujourd'hui l'ensemble du bassin amazonien et s'étend au sud jusqu'à la Bolivie et au Mato-grosso (Brésil) et à l'ouest jusqu'à Iquitos au Pérou (Compagnon, 1986).

Cet arbre de grande taille, qui atteint en forêt des dimensions de 20 à 35 m de haut et de 1 à 2 m de circonférence du tronc, possède la particularité de produire un latex riche en particules de caoutchouc naturel. Les propriétés de ce produit, connues et utilisées depuis longtemps par les Indiens d'Amérique du sud, ne fut redécouvert par les Européens qu'au XVIII<sup>e</sup> siècle. En effet, la première étude scientifique sur le caoutchouc (du quechua *cahutchu*, 'arbre qui pleure'), réalisée par un français, De la Condamine, date de 1736 (Jacob et al., 1995).

Mais il faut attendre encore un siècle et le développement de l'industrie des transports pour qu'apparaisse une véritable économie de plantation. C'est avec l'invention du pneumatique que le caoutchouc connaît un véritable essor en Europe. Un premier transfert de graines, collectées au Brésil, est alors réalisé par les Britanniques vers leurs colonies asiatiques en 1876; le nom de Wickham est associé à cette opération. D'autres importations en provenance du Brésil seront ensuite vraisemblablement à l'origine de l'extension de la culture en Indonésie, au Vietnam, au Cambodge et en Afrique centrale (Dean, 1987).

L'hévéaculture représente actuellement 7 à 8 millions d'hectares de plantations en milieu tropical humide (Clément-Demange et al., 1997). L'Asie réalise 92% de la production mondiale avec en tête la Thaïlande, l'Indonésie et le Vietnam. Les 8% restants sont produits en Afrique (6%), essentiellement Côte d'Ivoire et Nigeria, et en Amérique du sud, continent d'origine, avec seulement 2% du fait d'une maladie qui attaque les feuilles (un champignon parasite: *Mycrocyclus*).

Aujourd'hui, l'hévéaculture malgré la concurrence du caoutchouc synthétique depuis les années 50 se porte bien. Ses parts de marché sont passées de 100% à 30-40% après la seconde guerre mondiale mais sa production en valeur absolue n'a cessé d'augmenter depuis un siècle, ceci grâce à une demande toujours plus grande de l'industrie des pneumatiques mais aussi du fait de ses qualités spécifiques notamment d'élasticité, de résistance et de faible échauffement interne, qui le rendent indispensable dans des secteurs comme l'industrie aéronautique et l'automobile (pneus d'avions et de poids lourds) (Jacob et al., 1995). On voit de plus apparaître aujourd'hui un nouveau regain d'intérêt pour ce produit naturel qui reste bon marché.

L'ensemble de la production de caoutchouc naturel est assurée par une seule espèce *Hevea brasiliensis* qui s'est révélée la plus productive. Les plantations actuelles sont constituées de clones de greffes, c'est à dire de populations d'individus tous génétiquement identiques obtenus par multiplication végétative, ici le greffage. Cette technique initiée dans les années 20 a permis d'améliorer considérablement le rendement des parcelles et s'est imposée à partir de 1950 (Dijkman, 1951). Les clones utilisés actuellement sont le résultat d'une sélection dite récurrente réalisée depuis le début du siècle dernier, et qui consiste à sélectionner les meilleurs





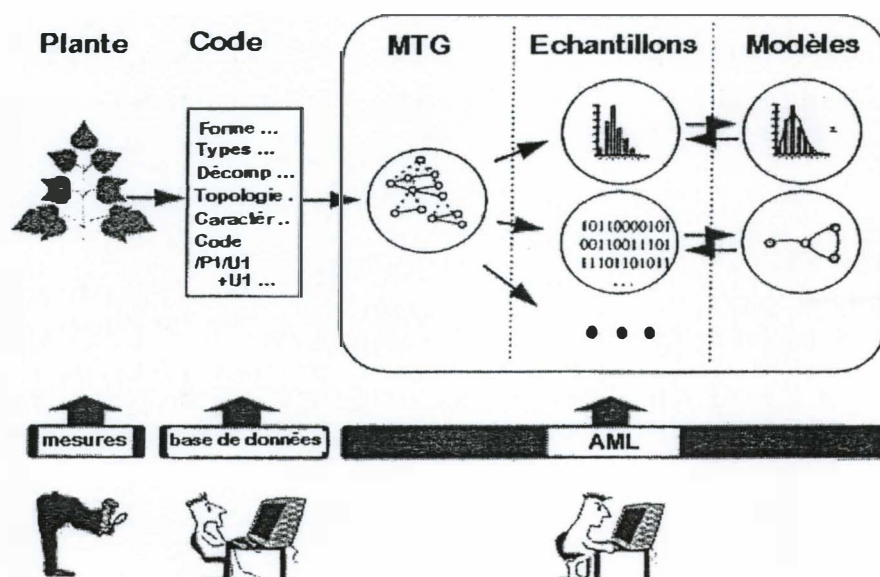
clones parmi la descendance des clones les plus performants croisés entre eux (Clément-Demange et al., 1995a).

Pour faire face à la demande, les principaux objectifs de la recherche sont aujourd'hui l'amélioration de la productivité par hectare, celle de la qualité technologique du caoutchouc, et l'augmentation de la superficie plantée en Hévéa. Les facteurs pris en compte pour la sélection diffèrent cependant suivant les régions en fonction des conditions éco-climatiques et des problèmes phytosanitaires rencontrés.

Le CIRAD est impliqué depuis 1972 en Côte-d'Ivoire dans un programme d'amélioration génétique de l'hévéa avec le CNRA (Centre National de Recherche Agronomique). Ce pays ne connaissant pas de problème phytosanitaire sérieux, la sélection est essentiellement orientée vers l'accroissement de la productivité. Une partie de la recherche est donc concentrée vers l'obtention de clones plus productifs. L'autre objectif concerne la stabilité du peuplement. En effet, en plantation, la densité du peuplement utile – nombre d'arbres exploités – tend à diminuer au cours temps. Ceci est dû principalement à deux facteurs : le premier est un phénomène appelé "encoche sèche", il s'agit d'un arrêt de la production de latex (Jacob et al., 1994); le deuxième a trait au dommage dû au vent -déracinement et surtout casse du tronc-. En Côte d'Ivoire, ce dernier entraîne des dommages importants lors de tempêtes.

L'étude réalisée au cours du stage s'inscrit dans le cadre d'une ATP (Action Thématique Programmée) sur l'étude de la casse vent, qui a débuté en 1997 et dont l'objectif était de déterminer les caractères explicatifs de la résistance au vent observée dans certaines parcelles. Deux clones ont été choisis, PB235 sensible à la casse au vent et GT1 réputé résistant. L'étude de ces caractères explicatifs comprenait deux parties, une sur l'analyse des propriétés biomécaniques afin de déterminer le rôle du matériau dans le phénomène de résistance, l'autre sur l'architecture des arbres pour caractériser l'effet 'structure', ces clones présentant notamment des types architecturaux bien distincts. C'est cette seconde partie qui va être développée ici.





Les principales étapes de la méthode AMAP-mod.

## Généralités

### **1- Architecture des plantes et modélisation**

La plante est un organisme complexe. Par conséquent, le terme d'architecture fait souvent référence à des notions différentes suivant la discipline d'étude. L'architecture est en effet utilisée dans de nombreux domaines de la biologie (biomécanique, physiologie végétale, botanique, écologie...) Il existe toutefois un consensus sur le fait que la plante peut être décomposée en un ensemble d'éléments ayant des caractéristiques morphologiques particulières et étant organisés en différents niveaux. L'architecture désigne alors l'organisation dans l'espace des différents composants de la plante.

On trouve dans la littérature de nombreux modes de représentation de l'architecture des plantes. Ceux-ci peuvent être classés suivant le type d'information qu'ils contiennent (information géométrique sur la forme des composants et/ou information topologique sur la relation entre les différents éléments de la plante) et selon qu'ils prennent en compte la totalité ou une partie de la plante (Godin, 1999).

Une classification des différents types d'architecture a aussi été établie par les botanistes Hallé et Oldeman (Hallé et Oldeman, 1970 ; Hallé et al., 1978).

#### Analyse de l'architecture en agronomie

C'est au Cirad que les premières applications de l'architecture des plantes à l'agronomie ont été développées.

Une unité de modélisation des plantes regroupant des chercheurs de l'Institut Botanique de Montpellier et des informaticiens y a été créée dans le but de pouvoir dans un avenir proche simuler et optimiser les expériences agronomiques sur ordinateur afin de prévoir le comportement des plantes dans un environnement donné (Bouchon et al, 1997).

Aujourd'hui, cette unité est devenue l'Atelier de Modélisation de l'Architecture des Plantes (AMAP). Et, en coopération avec L'INRA notamment et d'autres organismes nationaux et internationaux, elle conçoit et développe les méthodes nécessaires pour mesurer, analyser, simuler et représenter l'architecture.

Chez les plantes pérennes, de nombreux caractères à améliorer dépendent du développement de la plante ce qui nécessite de comprendre les mécanismes de la croissance.

La méthode AMAP-mod, a déjà été appliquée à l'étude de nombreux arbres fruitiers (ex : pêcher, pommier, abricotier), de plantes tropicales comme le caféier et l'eucalyptus mais aussi de plantes ornementales. Pour le pêcher, par exemple, la méthode a été utilisée pour analyser et modéliser la floraison sur différents types de rameaux (Coste et al., 1999). Elle a permis de caractériser le potentiel de production de chaque type de rameaux et de mettre en évidence une structure constituée de zones successives possédant des caractéristiques particulières quant à la position et aux nombres de fleurs.

Ainsi le logiciel AMAP-mod, destiné à l'analyse et à la modélisation de l'architecture des plantes propose une méthode applicable à une grande variété de cas (Godin et al., 1997).

Cette méthode est basée sur une description de l'arbre en unités élémentaires et ce à plusieurs niveaux de détails (ex : plante, branche et tronc, unité de croissance, entre-nœud). On parle alors de modèle multi-niveaux (Godin et Caraglio, 1998). Ce type de modèle est relativement

flexible: il permet la description de structures variées et donne une certaine liberté au chercheur quant à la manière de les décrire.

Ce logiciel permet d'intégrer à la fois des données topologiques, c'est à dire sur les relations existant entre les différentes unités dans l'arbre et des données géométriques sur la morphologie de ces unités. Il peut ainsi reconstituer de manière fidèle l'organisation de la structure de l'arbre. Une fois la base de données construite et intégrée par le logiciel, il est alors possible d'extraire des échantillons d'entités botaniques pour étudier le développement de la plante et modéliser sa croissance.

## **2- Hypothèses sur l'origine de la casse au vent de l'hévéa**

La fracture chez le clone PB235 se produit sur le tronc dans une zone située juste en dessous de la couronne. Deux hypothèses au départ de cette ATP ont été émises pour expliquer ce phénomène. Cette fragilité peut être due soit au matériau, un bois qui est moins résistant que celui des autres clones, soit à la structure de l'arbre. En effet, les arbres présentant des types architecturaux bien distincts, il est possible que l'organisation architecturale du clone PB235 ne soit pas adaptée lorsqu'il est soumis à des vents violents.

Dans cette partie nous présenterons d'abord les hypothèses et les résultats de l'analyse biomécanique (Fourcaud et al., 1999), puis les différents facteurs architecturaux pouvant être impliqués.

### **2-1- Le matériau**

La biomécanique étudie les propriétés des matériaux du vivant, notamment leur élasticité et leur résistance. Le bois est un matériau composite formé de plusieurs tissus. Ses propriétés dépendent alors de sa composition et de l'organisation des différents éléments à l'intérieur de la structure. Une différence de densité, de composition de certains tissus ou de la quantité de ces tissus peuvent entraîner des réponses mécaniques différentes.

L'étude a porté sur la densité du bois, sur son élasticité mesurée par le module de Young (ou module d'élasticité) et sur les contraintes à la rupture. Ces notions mesurent des choses différentes mais qui sont fortement corrélées entre elles. Par exemple, plus un matériau est élastique, plus il sera déformable et résistant. Au contraire un matériau très rigide est cassant.

Des séries de mesures ont été d'abord réalisées sur pieds pour évaluer l'élasticité, puis en laboratoire à partir d'échantillons prélevés sur ces mêmes arbres pour confirmer les premiers résultats et affiner l'étude par des mesures de densité et de résistance à la rupture.

Cette étude n'a pas permis de mettre en évidence de différences significatives entre les clones que ce soit au niveau de l'élasticité, de la densité du bois ou des contraintes à la rupture. Ces dernières ont été mesurées en compression sur la face interne de la courbure. C'est à ce niveau que s'initie dans la très grande majorité des arbres la détérioration du tronc qui conduit à la rupture. Ces derniers résultats sont particulièrement intéressants car ils montrent qu'il n'existe pas de différence de réaction aux contraintes entre les deux clones.

L'architecture aurait donc un rôle prépondérant dans le phénomène de casse au vent et les recherches se sont concentrées sur l'étude de l'organisation de l'architecture des arbres et de leur dynamique de croissance.



## **2-2- L'architecture**

Comment l'architecture intervient-elle dans le phénomène de casse au vent ?

L'architecture pourrait intervenir dans la prise au vent. Celle-ci varie suivant la forme de l'arbre et la densité de la couronne. Un port allongé et peu dense présente moins de prise au vent qu'un port étalé. La densité de la couronne va dépendre essentiellement de l'importance de la ramification de l'arbre. Des différences de physionomie ont déjà été mises en évidence par l'étude sur la modélisation de l'Hévéa (Costes et de Reffye, 1990) et il apparaît que PB235 présente un port plus étalé.

D'autre part, l'architecture intervient aussi de façon plus complexe au niveau de l'amortissement des mouvements et de la répartition des forces à l'intérieur de la structure. Dans ce domaine, des expériences préliminaires (Fourcaud et al, 1999) ont été réalisées au Cirad avec les logiciels de simulation AMAP-para et AMAP-méca sur la réponse mécanique de l'arbre au vent. Elles ont consisté en une simulation de la croissance des deux clones, en tenant compte des modèles architecturaux (pris au sens large) et notamment de la présence des réitérations, à laquelle ont été appliquées des contraintes latérales. Elles ont montré que les contraintes maximales en tension et en compression se répartissent différemment suivant le modèle architectural mais aussi en fonction de l'âge des arbres. Ainsi, on observe qu'à l'âge de dix ans, les contraintes pour le clone PB235 sont globalement plus élevées dans la zone sous le houppier que pour le clone GT1, mais ceci n'est plus valable par contre à l'âge de 18 ans.

Enfin, un autre facteur paraît aussi très important. Il s'agit de la dynamique de croissance qui commande la mise en place des matières ligneuses. Cette vitesse de croissance en épaisseur varie en fonction des clones (la saignée intervient entre 5 et 7 ans suivant le temps que mets le clone pour atteindre une circonférence de 50cm) et est affectée lors de la saignée. La saignée, indifféremment des clones, provoque au niveau du tronc un ralentissement de la croissance en largeur. Parmi les hypothèses il était aussi envisager que le caractère génétique de la croissance du clone ajouté à l'influence de la saignée provoque un déséquilibre entre la croissance en hauteur et la croissance en épaisseur rendant les arbres fragiles à un moment donné de leur vie (Clément-Demange et al, 1995b).

Les objectifs définis pour cette étude peuvent être reliés à la dynamique de ramification ou à la dynamique de croissance.

- **Etude de la dynamique de croissance :**

- Comparaison entre la croissance en hauteur du tronc et le développement de la couronne.
- Comparaison entre le volume du tronc et le volume de la couronne.

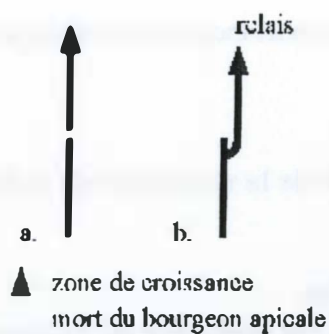


- **Etude de la dynamique de ramification :**

- Etude de la répartition des masses le long du tronc.  
→ étude descriptive des ramifications du tronc, de leur importance et de leur répartition le long du tronc
- Etude de la répartition des masses dans la couronne.  
→ estimation du volume de bois de la couronne et étude de la répartition du volume à l'intérieur de la couronne
- Etude du mode de ramification des axes des arbres adultes.  
L'arbre adulte continue de développer de nouveaux axes à la périphérie de la couronne. Ces axes peuvent former à leur tour de petits complexes ramifiés (axes + ramifications) que l'on a appelé 'systèmes ramifiés périphériques'.  
→ étude des systèmes ramifiés périphériques pour la recherche de caractères discriminants entre clone.
- Etude de l'évolution des caractères de ramifications au cours du développement des arbres.  
→ comparaison de la ramification des systèmes ramifiés périphériques des arbres adultes (7-11 ans) à celle des axes principaux (troncs) des jeunes arbres (2-3 ans).

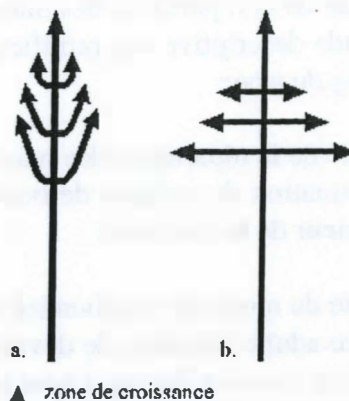


Figure 1 : Croissance monopodiale (a.), opposée à la croissance sympodiale (b.).



a. L'ensemble des unités de croissance de la tige sont élaborées par le même bourgeon apical.

Figure 2: Croissance des ramifications orthotrope (verticale) (a.), opposée à une croissance plagiotrope (horizontale) (b.).



▲ zone de croissance

Figure 3: disposition en étage des ramifications chez l'hévéa.

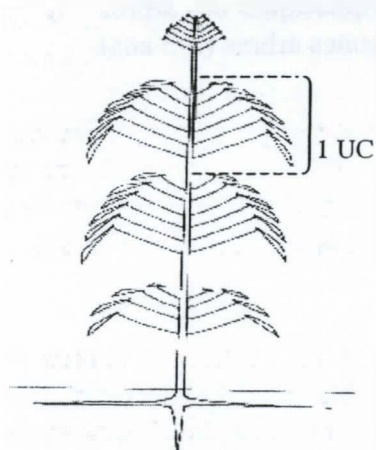
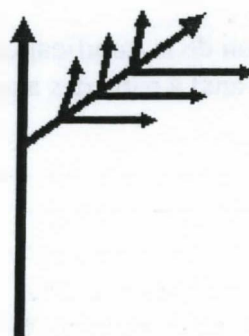


Figure 4: Phénomène d'hypotonie .



## **II. MATERIEL ET METHODES**

### **II.1- Le matériel végétal**

#### **1-1 L'hévéa**

L'hévéa est un arbre de grande taille qui atteint la partie supérieure de la canopée.

Il est conforme au modèle architectural de Rauh. Les 'modèles architecturaux' sont des modèles qualitatifs basés sur quatre critères botaniques fondamentaux définis par Hallé et Oldeman (1970). Environ 25 modèles architecturaux ont été décrits et permettent de regrouper les plantes selon leur stratégie de croissance. Le modèle architectural de Rauh correspond à une croissance du tronc monopodiale et rythmique ce qui confère aux branches une disposition en étage. Les branches sont orthotropes et morphologiquement identiques au tronc (croissance monopodiale, rythmique).

L'architecture peut être décrite ensuite plus précisément pour une espèce donnée par l'unité architecturale (Edelin, 1977 ; Barthélémy et al, 1989). L'unité architecturale correspond à l'expression de ce modèle pour une espèce donnée. Elle est la description détaillée des axes constitutifs de la plante.

L'architecture de l'hévéa est caractérisée notamment par une orthotropie complexe. Les branches ont une croissance orthotrope (verticale) mais l'agencement des axes dans l'arbre est telle que les axes ont tendance à se retrouver en position horizontale. Ce phénomène est dû à une hypotonie (développement plus important des ramifications de la face inférieure de l'axe, cf. figure 4) des branches latérales (Costes et Reffye de, 1990).

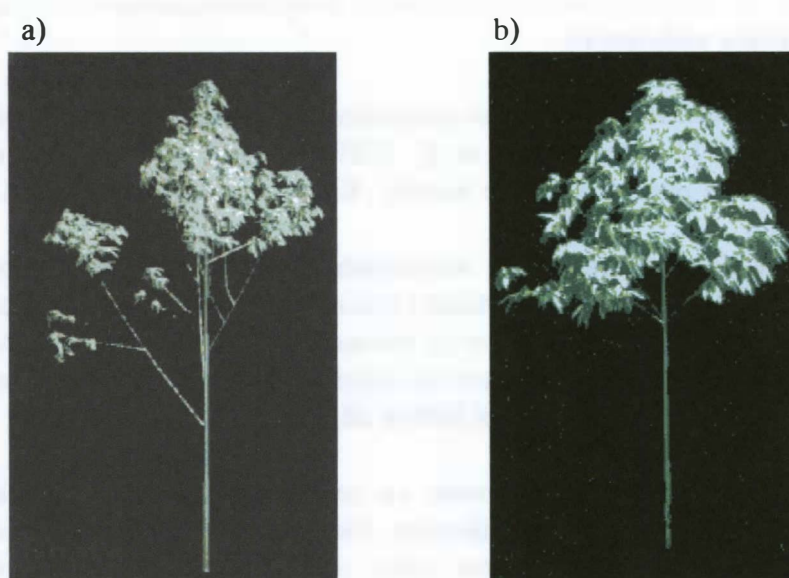
Entre les clones, malgré leur proche parenté, on peut noter des différences au niveau de l'architecture. Certains clones sont facilement identifiables en parcelle de par leur physionomie. Les clones ne présentent pas tous, notamment, des niveaux d'orthotropie complexe identiques et possèdent des dynamiques de couverture du sol variables. L'élagage naturel, qui est une conséquence du développement de la couronne et d'un manque de lumière au niveau des branches basses se révèlent plus ou moins important. A l'âge adulte les clones ont des ports (ou physionomies) bien distincts. On parle alors de types architecturaux clonaux.

#### **1-2- L'hévéa en plantation**

Les arbres en parcelles sont plantés en ligne de 8x2.50 m ce qui correspond à une densité de 500 arbres par hectare.

Ils sont mis en saignée lorsque le tronc atteint 50cm à 1.30m du sol. Elle intervient entre 5 et 7 ans suivant les clones. La saignée consiste en une incision réalisée au niveau du tronc par laquelle s'écoule le latex. La saignée est ensuite pratiquée 5 à 10 fois pendant 20 à 35 ans, durée de la période d'exploitation (Clément-Demange et al., 1997).

Figure 5: présentation des deux clones : a) GT1. b) PB235.



L'hévéa en plantation est de plus petite taille que ses congénères de la forêt amazonienne. Les arbres en plantation sont assez espacés pour qu'à l'âge adulte leur couronne ne se recouvre pas mais il existe une compétition pour les ressources qui limite leur croissance. La saignée a aussi un impact sur le développement des arbres : lorsque ceux-ci sont mis en saignée on observe un ralentissement de leur croissance. Le latex n'est pas une sève. Il est formé par des cellules spécialisées de l'écorce et il serait destiné à un rôle de défense vis à vis des agressions extérieures. Toutefois, l'arbre exploité doit constamment renouveler le contenu des ces cellules laticifères ce qui constitue une dépense énergétique pour l'arbre. Et une partie du métabolisme de l'arbre destiné à la croissance est détournée au profit des tissus laticifères (Clément-Demange et al., 1995b).

### **1-3- Présentation des deux clones**

Les deux clones choisis pour cette étude sont des clones anciens sélectionnés dans les années 30 en Malaisie et qui restent aujourd'hui encore largement utilisés (Mercykutty et al., 1995).

- PB235 : est l'un des clones à haut rendement les plus répandus en Malaisie. Sa production pendant les premières années d'exploitation est très forte ce qui permet un retour sur investissement rapide. Mais sa plantation est associée à un risque dans les régions pouvant être exposées à de forts vents.
- GT1 : est un clone à performance moyenne et très régulière. Il est apprécié parce que très fiable, les incidents dus au vent et le phénomène d'encoche sèche sont rares.

Les deux clones présentent des types architecturaux bien distincts (cf. figure 5) : GT1 présente un port élancé en forme de pinceau, PB235 possède un tronc très droit et long ; son port est plus large, conique.

Une étude réalisée par E. Costes et Ph. de Reffye en 1990, sur la modélisation stochastique de l'architecture des hévéas a montré qu'il existait des différences au niveau de la stratégie de développement entre ces deux clones. A partir d'observation faite sur des arbres d'âge croissant, cette étude a permis de déterminer les paramètres principaux du port de l'arbre jeune et de l'évolution de l'architecture au cours de sa croissance. Cette étude a notamment montré qu'entre 8 et 20 ans la physionomie des hévéas dépendait essentiellement de la stratégie de réitération<sup>1</sup> et du nombre d'ordres de ramification exprimé par ces complexes réitérés.

Le clone GT1 développe fréquemment des réitérations le long du tronc. Ce sont des ramifications du tronc qui dès leur apparition vont concurrencer ce dernier. Elles se caractérisent par un nombre d'unités de croissance proche de celui du tronc au dessus de leur point d'insertion et comportent l'ensemble des ordres de ramification de l'unité architecturale. Le clone PB235, présente rarement ce type de réitération mais développe plus de réitérations au dessus du point de mortalité.

### **1-4- Les arbres décrits**

La campagne de mesures a été menée en août 1997 à la station de Bimbresso et à Hevego en Côte d'Ivoire.

---

<sup>1</sup> duplication de l'unité architecturale au sein de l'arbre (cf. II.-2-2 les données topologiques).





8 arbres, 5 du clone GT1 et 3 du clone PB235 ont été entièrement décrits selon le protocole défini pour le logiciel AMAP-mod.

Les arbres sont âgés de 7 ou 11 ans. Le clone GT1 comprend deux arbres de 7 ans et trois de 11 ans, le clone PB235 deux de 7 ans mais un seul de 11 ans.

Les principales caractéristiques des arbres sont résumées dans le tableau 2.

N° arbre	Clone	Année	Parcelle	Circonf. 1,30m
4	GT1	1990	BMOA48	54cm
5	PB235	1990	BMOA49	65cm
6	GT1	1990	BMOA50	51cm
7	PB235	1990		52cm
8	PB235	1986		76cm
9	GT1	1986	E4SE	64,5cm
10	GT1	1986	E4SE	74cm
11	GT1	1986	E4SE	55cm

Tableau 2 : les arbres décrits.

Le choix de ces arbres a été réalisé en fonction de leurs caractéristiques morphologiques typiques du clone correspondant et il s'est porté volontairement vers des arbres de taille différente afin de représenter la diversité pouvant exister à l'intérieur d'un clone.

L'étude a été limitée à huit arbres pour deux raisons.

D'abord le protocole de mesure est destructif. Il est en effet nécessaire vu la taille des arbres de les abattre avant de réaliser les mesures. Il est donc difficile de réaliser ce type d'étude à grande échelle sans léser le cultivateur: ces arbres sont en pleine production et il faut attendre au moins cinq ans après la plantation pour qu'un arbre puisse être saigné.

De plus, le protocole d'échantillonnage est très long et fastidieux. Les arbres mesurés comportent de 1500 à plus de 4000 unités de croissances et chacune de ces unités est répertoriée ainsi que les liaisons qui existent entre elles. Cela représente plusieurs jours de travail par arbre.

Afin de compléter l'analyse, un deuxième jeu de données issu de l'étude sur la modélisation de l'architecture de l'hévéa (Coste et de Reffye, 1990) a été utilisé.

Ces données ont été récoltées sur des jeunes arbres au cours de leurs premières années de développement (2 et 3 ans). On dispose de 108 arbres :

-56 pour le clone GT1

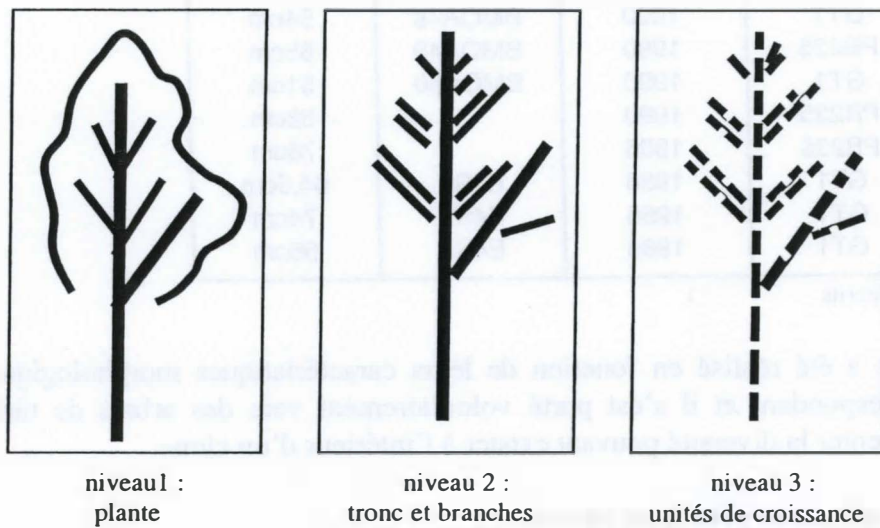
-52 pour le clone PB235

Ils sont répartis dans deux parcelles différentes P36 et P37.

Parcelle\ clone	GT1	PB235	total
P36 (3ans)	18	20	38
P37 (2ans)	38	32	70
Total	56	52	108

Tableau 3: les jeunes arbres étudiés.

Figure 6: Les trois niveaux de description des arbres représentés sur de jeunes arbres.





## II .-2 Organisation des bases de données

### 2-1- Les données topologiques

La plante est décomposée en entités, à plusieurs niveaux de descriptions différents.

Pour l'étude de l'hévéa, 3 niveaux ont été retenus:

- niveau1: la plante
- niveau2: le tronc et les branches (axes ou réitérations)
- niveau 3: les unités de croissance

A chaque niveau, l'ensemble des entités sont relevées et codées ainsi que les relations qui existent entre elles.

#### Définition des entités botaniques utilisées

**Unité de croissance:** chez les plantes à croissance rythmique, le développement des axes est caractérisé par une succession de phase d'allongement et de repos. (Chez les plantes tempérées, on trouve le plus souvent des vagues d'allongement annuelles séparées par une phase de repos hivernal). Chez l'hévéa, on compte une vague d'allongement environ tous les 42 jours. La portion de tige édifiée au cours d'une phase d'allongement est appelée unité de croissance (Hallé et Martin, 1968).

Ces Unités de Croissance (UC) sont facilement identifiables sur le terrain. Elles portent à la base une série de cataphylles (écailles foliaires) suivis d'une série de feuilles.

**Axe :** il constitue la structure élémentaire couramment utilisée pour la description de l'architecture aérienne d'une plante. Il est formé d'un ensemble d'unités de croissance édifiées par un même méristème apical.

**Réitération:** Au cours du développement de l'arbre, sa structure évolue et se complexifie. L'arbre jeune présente une structure hiérarchisée autour du tronc conforme à l'unité architecturale. A des âges plus avancés, on voit apparaître des duplications de l'unité architecturale à l'intérieur de l'arbre. Cette transformation de la couronne est appelée processus de réitération (Oldeman 1972,1974). Au niveau du tronc, une réitération correspond à un axe présentant à son tour, tous les ordres de ramifications.

### 2-2- Les données géométriques

Des informations sur la forme et la taille des entités ont été ajoutées :

- longueur et circonférences des unités de croissances du tronc,
- longueur, circonférence base et circonférence sommet des axes principaux,
- angles d'insertion des branches.

Figure 7: Codage des unités de croissances

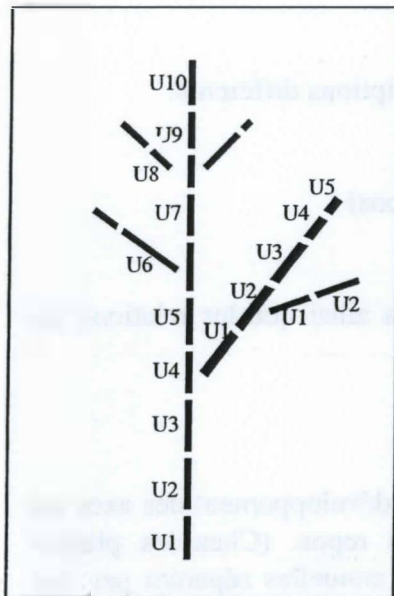
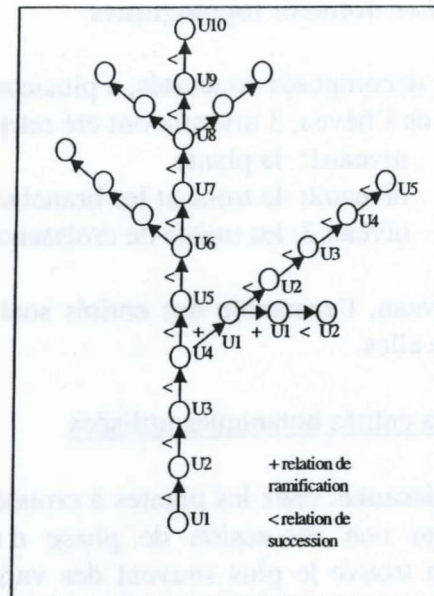


Figure 8: Codage des relations entre les unités de croissance.



## 2-3- Le codage des données

### 2-3-1- Le codage des entités

Les entités sont codées par une lettre qui correspond à leur nature et par un chiffre qui désigne le plus souvent soit l'année de d'édification soit l'ordre de succession sur l'axe.

<i>Entité</i>	<i>Type</i>	<i>Indice</i>
Plante	P	N° de l'arbre
Axe	A	Rang de l'UC porteuse
Réitération	R	Rang de l'UC porteuse
UC	U	Rang sur l'axe

### 2-3-2- Le codage des relations entre les entités

Il existe deux relations possibles entre les entités :

-une relation de succession : les deux entités sont édifiées par un même méristème apical et font parties d'un même axe.

-une relation de ramification: la deuxième entité est édifiée à partir d'un bourgeon latéral de la première. Cette ramification peut être soit un rameau latéral, soit un relais s'il s'établit à la suite de la mort de l'apex de l'axe et en constitue son prolongement.

'<' code pour la relation de succession

'+' pour la relation de ramification

## 2-4- La constitution des fichiers de données

Les entités et leur relation ainsi codées sont organisées en fichiers lisibles par le logiciel. Les données numériques, ici géométrique, sont attribuées dans les colonnes suivantes en vis à vis des entités correspondantes (cf. tableau ci-dessous)

IDENTITY-CODE			Longueur	Cbase	Dbase	Csom
/P4/T1						
/U1						
<U2						
<U3						
<U4						
<U5						
<U6						
<U7						
<U8						
<U9						
<U10						
<U11				515		515
	+A1		1050	100		
	/U1					
	<U2					
		+A1				

## 2-5- La représentation multi-niveaux ( MTG)

Les bases de données sont lu par le logiciel AMAP-mod. A partir des données, le logiciel reconstitue l'architecture et construit une représentation interne appelée MTG (Multiscale Tree Graph).

Le MTG est constitué par une superposition des Tree graph de chaque niveau de description.

Le tree graph (ou graphique en arbre) est formé de vertex qui représentent les entités et de vecteurs qui indiquent le sens de la relation.

C'est à partir de cette représentation formelle que sont réalisées par AMAP-mod l'ensemble des extractions ou les visualisations de la plante en 3D.

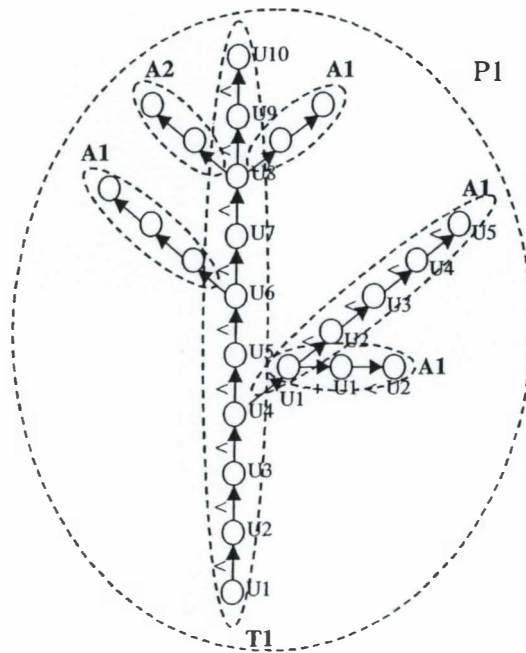


Figure 9 : exemple d'un MTG (multiscale-tree graph) résultant de la superposition des trois tree graph (Plante, tronc et axes, UC).

## II.3- Extraction des données

Une fois la base de données créée, elle peut être analysée au moyen d'un langage d'interrogation appelé aml (Godin et al., 1997a). Ce langage permet de visualiser la représentation en trois dimensions de la structure géométrique de la (ou des) plante(s) et d'extraire des échantillons d'entités botaniques nécessaires à l'analyse statistique.

Le langage aml nous a permis d'établir des échantillons afin de réaliser des analyses exploratoires sur l'architecture des clones, puis d'extraire les entités et leurs caractéristiques nécessaires aux analyses. Ces données ont été regroupées en plusieurs tableaux en fonction des différents objectifs de l'étude.

Les extractions sont réalisées à l'aide de fonctions prédéfinies dans le langage aml (ou primitive).

L'extraction des données nécessite plusieurs étapes :

- 1- constituer l'échantillon des entités,
- 2- construire les fonctions nécessaires au calcul des variables,
- 3- calculer les variables pour chaque individu de l'échantillon et organiser les différents éléments du tableau.

### 3-1- Les entités

#### 3-1- Les entités par arbre

Une première approche a consisté à dénombrer les différentes entités à l'intérieur des arbres afin de nous donner une idée de l'importance du développement des arbres et des différences pouvant exister. On a calculé le nombre d'axes, le nombre de réitérations et le nombre d'unités de croissance.

Les entités sont tout d'abord sélectionnées aux différentes échelles à l'aide des primitives 'Components' et 'Select' :

-Components(x) : récupère l'ensemble des éléments constitutifs de x.

-Select(\_x, condition sur x) : sélectionne x si la condition du deuxième terme de la parenthèse est remplie.

Exemple pour les axes :

```
Aml> axes(_p) = Foreach _x In Components(_p, Scale->2) : Select(_x, Class(_x) == 'A')
```

Cette fonction est de type itérative : \_x est associé successivement à l'ensemble des composants de \_p à l'échelle 2 et \_x est sélectionné s'il est de type A.

Les fonctions utilisées pour les autres entités figurent en annexe.

Pour chaque type d'entités, on extrait ensuite un échantillon par arbre :

-un échantillon 'arbres' est constitué, regroupant l'ensemble des plantes.

```
· Aml> arbres = VtxList(Scale->1)
```

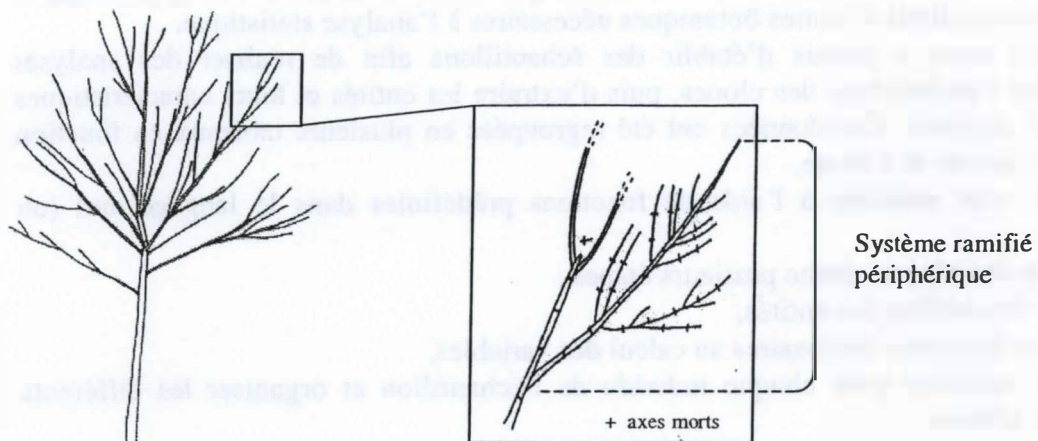
L'échantillon 'arbres' contient l'ensemble des vertex à l'échelle 1.

-les différentes fonctions construites pour sélectionner les entités sont ensuite appliquées aux individus de ce premier échantillon.

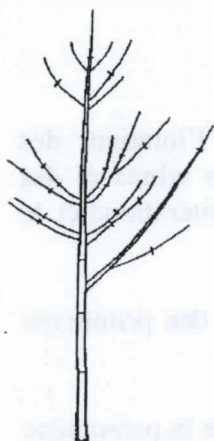
Figure 10 : Etude du mode de ramification.

a) h  v  a adulte et d  tails d  un syst  me ramifi   p  riph  rique. b) repr  sentation d  un jeune h  v  a    2 ans.

a.



b.





- la primitive 'Size' permet enfin de calculer la taille des échantillons et ainsi de définir le nombre des entités.

Ce qui s'écrit, pour les axes :

```
Aml> nbaxes = Foreach _p In arbres : Size (axes(_p))
```

Cette fonction renvoie, par exemple pour le clone GT1 :

```
<ARRAY(INT)> : [2739,896,1505,2098,845]
```

Les arbres 4, 6, 9, 10 et 11 comportent respectivement 2739, 896, 1505, 2098 et 845 axes.

L'ensemble des résultats est regroupé dans un tableau en annexe.

### 3-1-2 Les échantillons d'entités utilisés pour la construction des tableaux

Les différents tableaux de cette étude ont été élaborés à partir de 4 échantillons :

-un échantillon de l'ensemble des UC :

```
Aml> uc(_x) = Components(_x, Scale->3)
```

-un échantillon des axes et réitérations :

```
Aml>axe_and_reit(_p) = Foreach _x In components(_p,scale->2):/  
Select(_x, class(_x) != 'T')
```

-un échantillon des UC des troncs :

```
Aml> tronc(_p) = Foreach _x In Components(_p, Scale->2) : Select(_x, Class(_x) == 'T')  
uctronc(_p)= Foreach _t In tronc(_p) : uc(_t)
```

Pour chaque tronc, cette dernière fonction récupère les UC qui le composent. Certains arbres possèdent 'deux' troncs. Il s'agit d'un sympode qui a pris le relais du tronc à la mort de celui-ci et qui a été codé T2.

-un échantillon des axes périphériques :

Afin de pouvoir comparer le mode de ramification des arbres adultes à celui du tronc des jeunes arbres, on a extrait les axes encore vivants de la périphérie des arbres adultes ayant donné naissance à un petit système ramifié.

Pour isoler ces axes, deux critères ont été retenus :

- la dernière UC de l'axe n'est pas ramifiée. En effet chez l'hévéa le développement des ramifications est retardé et n'intervient que durant la période de croissance suivante. Une ramification sur la dernière UC implique donc que cet axe est mort<sup>1</sup>.

- l'axe possède au moins une ramification.

Pour traduire le premier critère en langage aml, on a d'abord réalisé une fonction 'ucmorte' :

```
ucmorte(_x) = Sons(_x, EdgeType->'+') != []
```

Sons(\_x) : fait référence au(x) descendant(s) directe(s) de \_x. Une UC peut avoir deux types de descendants directs (ou fils), soit un descendant par la relation '<' (l'UC suivante sur l'axe), soit un (ou des) descendant(s) par la relation '+' (UC édifiée(s) par un bourgeon latéral).

'ucmorte' est une fonction logique qui renvoie 'True' lorsque l'UC possède au moins une ramification (fils par la relation '+'), 'False' dans le cas contraire.

Pour sélectionner les axes vivants, on applique cette fonction à la dernière UC des axes (Components(\_x)@-1).

La fonction finale pour réaliser l'échantillon des axes périphériques s'écrit :

---

<sup>1</sup> Un axe est dit mort lorsque son méristème apical a cessé de fonctionner.



Figure 11 : Ordre de ramification

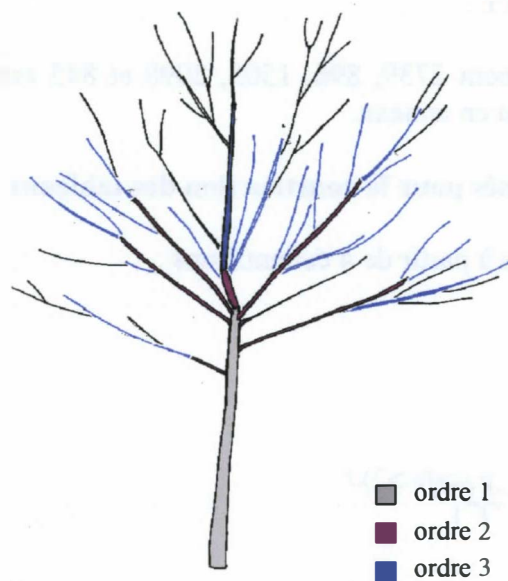
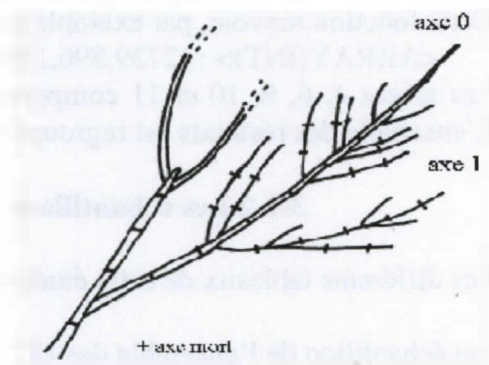


Figure 12: Ordre relatif des axes périphériques



```
axes_periph(_p) =Foreach _x In axes(_p) : \
    Select(_x,ucmorte(Components(_x)@-1) == False
    And Sons(_x, EdgeType->'+') != [])
```

Parmi l'ensemble des axes de \_p, cette fonction sélectionne les axes qui n'ont pas de ramification sur la dernière UC mais qui ont au moins une ramification (ou axe fils) ailleurs.

Les différentes fonctions faisant référence à \_p sont ensuite appliquées à l'échantillon des arbres.

### 3-2- Les caractères architecturaux

Afin de caractériser les axes et les unités de croissance étudiées, un certain nombre de variables architecturales ont été défini. Nous présentons ici une rapide définition de celles-ci et les fonctions qui nous ont permis de les calculer.

- **le nombre d'UC** des axes noté NB\_UC  
fonction : Size(Components(\_x))  
Pour un axe donné, on relève l'ensemble de ses composants et 'Size' en donne le nombre.
- **le nombre de descendants** des axes, noté DESC : il s'agit du nombre total d'UC auquel cet axe a donné naissance. Cela comprend le nombre d'UC de l'axe lui-même ainsi que ceux de l'ensemble de ses ramifications. L'extraction s'effectue avec la fonction prédéfinie à cet effet 'Descendants'.  
fonction : Size(Descendants (components(\_x)@1))  
La fonction 'Descendants' est appliquée au premier composant de l'axe (@1) et récupère toutes les UC qui lui succèdent dans le fichier de données.
- **l'ordre** des axes : il s'agit de l'ordre de ramification. En botanique, l'ordre 1 est constitué par l'axe principal, le tronc. Les axes d'ordre 2 sont ensuite les ramifications du tronc, les axes d'ordre 3, les ramifications de l'ordre 2 et ainsi de suite.  
fonction prédéfinie : Order(\_x)  
N.B : à la différence de la désignation botanique un relais à l'extrémité d'un axe mort est considéré par le logiciel AMAP-mod comme un axe d'ordre supérieur.
- **la position par rapport au sol** des axes, notée POSITION : la position indique le nombre k d'UC entre le sol et le point d'insertion de la branche. Celle-ci est calculée par l'intermédiaire de la fonction 'Ancestors' qui retrace le chemin entre une UC et la première UC de la plante.  
fonction : Size(Ancestors (components(\_x)@1))  
La fonction 'Ancestor' est appliquée à la première UC de l'axe
- **l'état** de l'axe (mort ou vivant), noté M/V: cette caractéristique a été spécialement définie pour le calcul du volume. A été défini comme mort, un axe possédant une ramification (ou relais ) au niveau de sa dernière unité de croissance. Une ramification sur la dernière UC indique que son méristème apical a cessé de fonctionner et qu'il s'agit d'un relais.  
La fonction construite à cet effet est un peu complexe et celle-ci a été mise en annexe.  
Cette caractéristique a été codée 0/1 : 0 pour un axe vivant et 1 pour un axe mort.

- **le rang** des UC : le rang correspond à la position de l'UC sur l'axe. Par exemple, l'UC de rang 3 est la troisième UC en partant de la base de l'axe. L'indice du codage des UC dans notre étude correspond à ce rang.

Pour déterminer le rang des UC on a utilisé la fonction 'index' qui permet de récupérer l'indice des vertex.

fonction : Index (\_x)

- **l'ordre relatif** des axes périphériques, noté ORDRE\_REL. Les axes périphériques peuvent être soit à l'origine d'un petit système périphérique, on parlera alors d'axes 'principaux', soit une ramification d'un système plus grand, dans ce cas ils seront dits 'secondaire'. On a alors défini un ordre relatif pour ces axes, avec les axes principaux, les axes d'ordre 0 et les axes secondaires, les axes d'ordre 1.

fonction : Ordre\_rel(\_tab, \_x) = If Pos(\_tab, Father(\_x, Edgetype->'+')) == Undef \ Then 0 Else 1

Cette fonction renvoie 1 si l'axe porteur de l'axe périphérique est présent dans le tableau, 0 dans le cas contraire.

### 3-2- Les tableaux extraits

#### 3-2-1 Circonférences et longueurs

Deux tableaux préliminaires ont été réalisés afin d'extraire l'information existante sur les longueurs et les circonférences, un sur les UC (tabuc) l'autre sur les axes et les réitérations (tabaxe). Ils nous ont servi pour les analyses exploratoires puis ensuite dans l'estimation de la hauteur des troncs et de leur volume.

Le premier a été établi à partir de l'échantillon des axes et des UC, le second à partir de l'échantillon des axes et des réitérations (cf. 2<sup>ème</sup> paragraphe de la section 3-1-2-).

Les caractères extraits sont :

-pour les axes : n° de l'arbre, ordre, position, desc, circonférence base, circonférence sommet et longueur. Une variable 'code-axe' y a été ajoutée afin de distinguer les axes des réitérations.

-pour les UC : n° de l'arbre, rang, ordre, position, circonférence base, circonférence sommet et longueur.

#### 3-2-2 Répartition des masses le long du tronc

Un tableau, appelé 'tabuc\_tronc', a été extrait.

Il a été établi à partir de l'échantillon des UC des troncs.

Les variables extraites pour chaque UC sont : n° de l'arbre, index du tronc, rang, nb\_ramif, axes et desc.

Avec :

-nb\_ramif : le nombre de ramifications de l'UC (fonction : Ramif(\_y))

-axes : le nombre d'axes parmi les ramifications de l'UC (fonction : Ramif\_A(\_y))

-desc : la somme des descendants des ramifications (fonction : Descendants\_axil(\_y))

Cette dernière variable nous donne un nombre total d'UC portées par UC du tronc. C'est à partir de celle-ci que sera étudiée la répartition des masses de la couronne le long du tronc.

### **3-2-3 Estimation du volume de bois**

Un tableau, appelé 'tabaxeV', contenant l'ensemble des axes (au sens large : axes et réitérations), a été extrait pour estimer le volume de bois total de la couronne et étudier la répartition des masses à l'intérieur de la couronne.

Il a été établi à partir de l'échantillon des axes et des réitérations.

Ce tableau comprend les variables suivantes : n° de l'arbre, ordre, position, desc, nb\_uc, m/v, circonférence base et circonférence sommet.

### **3-2-4 Systèmes ramifiés périphériques**

Pour étudier le mode de ramification des systèmes ramifiés périphériques, un tableau, appelé tabaxes\_périph, a été extrait.

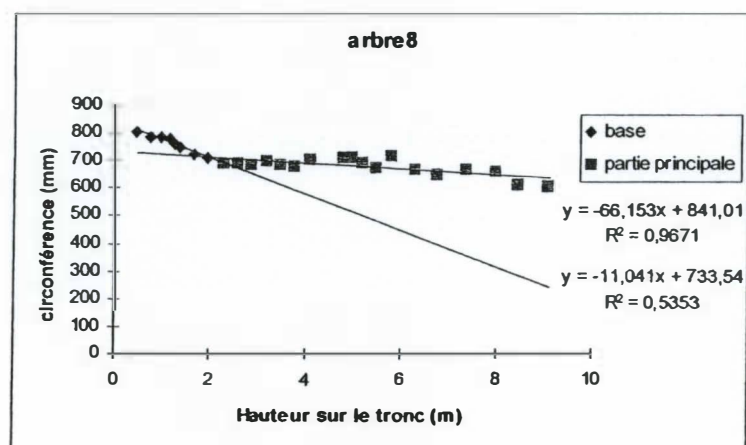
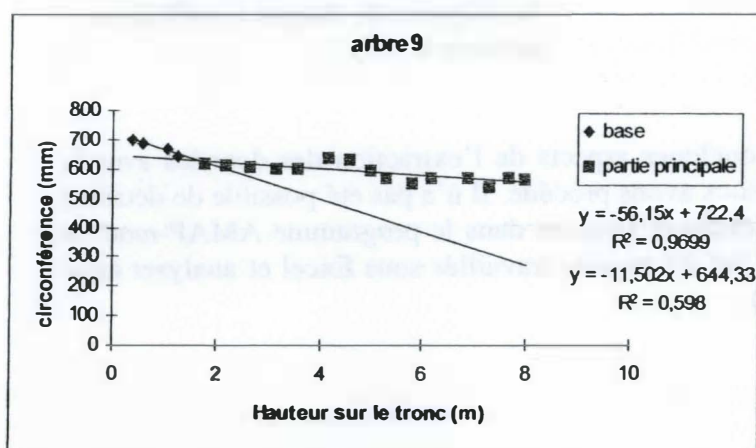
Ce tableau a été établi à partir de l'échantillon des axes périphériques.

Les caractères extraits dans les deux tableaux sont : ordre, code\_axe, ordre\_rel, position, nb\_uc, nb\_ramif (nombre total de ramifications de l'axe).

Et dans une deuxième partie du tableau ont été relevés : -le détail des ramifications par UC,  
-la longueur de chaque ramification  
(nombre d'UC).

Dans cette partie, nous avons présenté quelques aspects de l'extraction des données avec le logiciel AMAP-mod et la manière dont nous avons procédé. Il n'a pas été possible de détailler l'ensemble des fonctions utilisées mais celles-ci figurent dans le programme AMAP-mod en annexe. Ces différents tableaux extraits ont été ensuite travaillés sous Excel et analysés avec des logiciels statistiques (SAS, statistica).

Figure 13: Représentation des circonférences des UC du tronc en fonction de la hauteur





## II.-4 Méthodes statistiques

### 4-1- Analyse descriptive

#### 4-1-1- Rapport tronc/couronne

##### - Estimation des hauteurs des troncs:

Les hauteurs ont été calculées à partir des renseignements sur la longueur des UC. Un certain nombre de données sont manquantes pour 4 arbres. On les a estimées à partir des moyennes:

- pour les arbres 4 et 10 par la moyenne des autres UC du tronc
- pour les arbres 5 et 7 par la moyenne des 10 premières UC de l'arbre 8. En effet, il semble que pour le clone PB235 la longueur des UC augmente le long du tronc et pour les arbres 5 et 7 on ne dispose que des UC de la partie haute.

#### 4-1-2-Estimation du volume de bois

##### 4-1-2.1. Le tronc

Les renseignements sur les circonférences du tronc, comme pour les longueurs, sont différentes entre les arbres. Pour deux arbres, l'arbre 9 du clone GT1 et l'arbre 8 du clone PB235 on dispose des données pour l'ensemble de leurs UC. La meilleure méthode pour estimer le volume a été déterminée à partir de ces deux arbres en supposant que les autres arbres ont une forme de tronc similaire.

Les deux troncs 9 et 8 ont globalement des formes identiques. La représentation des circonférences en fonction de la hauteur du tronc montre qu'il s'agit d'un cône tronqué au sommet qui s'évase à la base. Deux régressions une sur la base du tronc et une sur le reste du tronc ont été calculées (cf. figure 13).

Le volume du tronc a d'abord été calculé pour ces deux arbres en décomposant les troncs en UC. Le volume de chaque UC a été calculé puis additionné pour obtenir le volume du tronc. On s'est servi de la formule du cône tronqué en prenant pour la circonférence base, la 'cbase' renseignée pour l'UC et pour la circonférence sommet, la 'cbase' de l'UC suivante.

Formule du volume d'un cône tronqué :

$$V = \pi \times h (a^2 + ab + b^2) / 12$$

avec: h : la hauteur du cône tronqué

a : le diamètre de la base

b : le diamètre du sommet

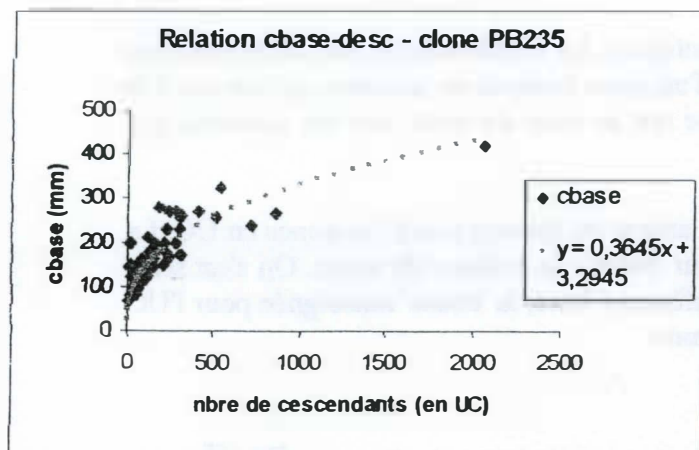
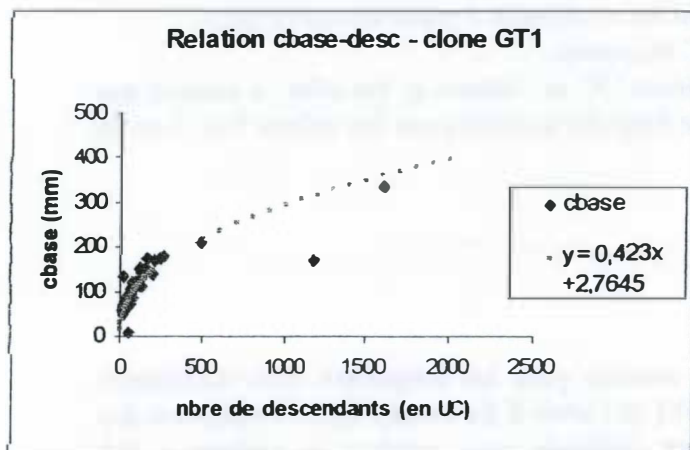
Les données complètes n'existant pas pour tous les arbres, on a ensuite estimé le volume de trois autres manières différents et on a comparé les résultats au volume calculé par la méthode ci-dessus:

- par un cylindre en prenant pour diamètre, le diamètre de l'arbre à 1.30m du sol (méthode 1).
- par un seul cône tronqué en réalisant une seule régression sur l'ensemble des points (méthode 2).
- par deux cônes tronqués, un pour la base plus évasée et un pour la partie principale du tronc (méthode 3).

Tableau 4 : Résultats des différentes méthodes d'estimation du volume.

<i>n°arbre</i>	<i>volume (dm³)</i>	<i>I 95%</i>	<i>méthode 1 (dm³)</i>	<i>méthode 2 (dm³)</i>	<i>méthode 3 (dm³)</i>
9	235,9	[247,7 ;224,2]	265,5	240,4	236,0
8	350,2	[367,7 ;332,7]	417,8	347,7	346,8

Figure 14 : Relation entre la circonférence base et le nombre de descendants.





Les résultats de cette recherche pour l'estimation du volume du tronc sont résumés dans le tableau 4.

Les méthodes 2 et 3 permettent d'estimer le volume avec une marge d'erreur inférieure à 5%. Ici nous avons choisi d'appliquer la méthode 3 car pour certains arbres nous ne disposons que de très peu de mesures. Les pentes des droites pour les arbres 8 et 9 étant très proches, on a choisi d'appliquer un même modèle pour l'ensemble des arbres des deux clones, celui de l'arbre 9.

Ces estimations seront utilisées pour comparer le développement du tronc par rapport au volume de la couronne.

#### **4-1-22. La couronne**

##### **- Principe :**

L'estimation du volume du bois de la couronne a été réalisée axe par axe. Chaque axe est assimilé à un cône tronqué dont on va rechercher le volume. L'estimation du volume total est obtenu en effectuant la somme des volumes de l'ensemble des axes de l'arbre.

Cette méthode va notamment nous permettre d'évaluer la répartition du volume en fonction de l'ordre de ramification et de la position des axes à l'intérieur de la couronne.

##### **- Estimation de la circonférence base :**

La circonférence base n'étant pas renseignée pour tous les axes, il a fallu l'estimer. A partir du tableau 'tabcirc' contenant les axes ayant des circonférences base et sommet renseignées on a recherché une relation entre 'cbase' et les différentes caractéristiques de l'axe. On a trouvé une bonne relation avec le nombre de descendants de l'axe (cf. figure 14).

Les circonférences bases ont été estimées à partir des logarithmes. Les relations sont différentes entre les deux clones et les 'cbase' ont été calculées à l'aide des deux équations suivantes:

$$\begin{aligned} \text{- clone GT1 :} & \ln(\text{cbase}) = 0.423 \ln(\text{desc}) + 2.7652 \\ \text{- clone PB235 :} & \ln(\text{cbase}) = 0.3645 \ln(\text{desc}) + 3.29451 \end{aligned}$$

##### **-Estimation de la circonférence sommet :**

Les axes ont été répartis en deux groupes, les axes vivants et les axes morts. Ces derniers ont une circonférence sommet plus grande. Ces axes ne grandissent plus et les dernières UC se sont développées en épaisseur.

Les 'csom' des axes vivants ont été estimées en fonction de la circonférence base:

$$\begin{aligned} \text{- clone GT1 :} & \text{Diff (cbase-csom)} = 0.9807 \text{ cbase} - 24.39 \\ \text{- clone PB235 :} & \text{Diff (cbase-csom)} = 0.9705 \text{ cbase} - 22.09 \end{aligned}$$

Les 'csom' des axes morts ont été estimées à partir de la circonférence base et du nombre d'UC de l'axe.

$$\text{Diff (cbase-csom)} = 9.6521 \text{ nb\_uc} - 0.4643$$

##### **- Répartition du volume à l'intérieur de la couronne**

Pour les analyses sur le volume de la couronne, les volumes estimés pour les petits axes étant très imprécis, on a choisi de ne prendre en compte que les axes principaux, c'est à dire les axes qui ont plus de 10 descendants et une circonférence base supérieure à 50 mm.

#### 4-1-3- Les systèmes ramifiées périphériques

On a regardé la répartition des axes périphériques à l'intérieur des deux catégories (axes principaux et axes secondaires) ainsi que leur longueur (NB\_UC), et l'ordre de ramification auquel ils appartiennent.

Le nombre d'axes périphériques étant très variable d'un arbre à l'autre (il dépend notamment de l'âge et de la vigueur de l'arbre) les différentes comparaisons ont été réalisées sur les pourcentages.

##### - Catégories des axes

Les proportions d'axes 0 et 1 ont été calculées globalement pour les clones, puis pour chacun des arbres.

##### - Longueur des axes en nombre d'UC et ordre de ramification

On a calculé pour chaque arbre les distributions en pourcentage des axes périphériques en fonction de leur longueur et de leur ordre de ramification.

Pour la longueur, on a comparé globalement les deux clones, en réalisant un profil moyen par clone. Celui-ci est obtenu en calculant, pour chaque modalité de la variable la moyenne des pourcentages des arbres à l'intérieur des clones. Les modalités correspondent aux nombre d'UC des axes: de 2 à 15 UC.

Soit  $p_{i,j}$  le pourcentage de la modalité  $i$  de l'arbre  $j$   $\left| \begin{array}{l} i = 2, 3, \dots, 15 \\ j = 4, 6, 9, 10, 11 \text{ pour le clone GT1} \\ j = 5, 7, 8 \text{ pour le clone PB235} \end{array} \right.$

alors  $P_i$  le pourcentage de la modalité  $i$  du profil moyen s'écrit:

$$P_i = \frac{\sum_j p_{i,j}}{n} \quad \text{où } n \text{ est le nombre d'arbres du clone}$$

#### 4-2- Les modèles

Nous nous sommes servis des systèmes ramifiés de la périphérie des arbres pour comparer 3 caractères quantitatifs associés à la dynamique de ramification des clones adultes puis pour étudier leur évolution au cours du temps. En effet, la dynamique de ramification a déjà été étudiée pour ces deux clones par Costes et De Reffye (1990). Afin de modéliser la croissance de trois clones d'hévéa dont GT1 et PB235, des analyses quantitatives sur les axes d'ordre 1 et 2 ainsi que sur leurs ramifications avaient été réalisées sur de jeunes arbres dans leurs premières années de développement.

Nous avons pu récupérer une partie de ces données et comparer le mode de ramification des axes périphériques des arbres adultes à celui des premiers axes des jeunes arbres. Ces dernières avaient été mesurées en 1990 en Côte d'Ivoire, et même s'il ne s'agit pas des mêmes parcelles, cela correspond à des arbres plantés aux mêmes dates, mais décrit au début de leur développement.

Les 3 caractères étudiés sont les suivants:

- PUCRAM: le pourcentage d'UC ramifiées par axe
- NBRUCR: le nombre de rameaux par axe
- NB\_UC: la longueur des rameaux

Nous nous sommes inspirés de l'étude réalisée par Costes et De Reffye (1990) dans laquelle avaient été analysées ces trois caractères mais nous les avons étudiés de manière sensiblement différente. En 1990, ceux-ci avaient été analysés par ordre d'axe à partir d'un échantillon d'arbres au même stade de développement et en fonction de l'index de l'UC afin de visualiser leur évolution le long de l'axe.

Ici pour les arbres adultes on a un ensemble de sous-échantillons d'axes à l'intérieur des arbres. Ces axes appartiennent à des ordres différents et ont des longueurs très variées du fait qu'ils n'ont pas été mis en place tous au même moment. De plus la position du système ramifié dans l'arbre ainsi que l'âge de l'arbre sont susceptibles d'avoir une influence sur ces différents caractères. Ceci nous a conduit à les modéliser en fonction de différents facteurs de variation afin de déterminer l'existence ou non d'une différence entre clones. Pour cela, des analyses de la variance ont été utilisées. Pour le caractère PUCRAM on a aussi utilisé un modèle logistique. En effet, ce caractère mesure le nombre d'UC ramifiées sur l'ensemble des axes de l'UC. Pour chaque UC, on a une réponse binaire, 1 ou 0 lorsque celle-ci est ramifiée ou non.

#### 4-2-1- Analyse de la variance

L'analyse de la variance ou ANOVA est un cas particulier du modèle linéaire général. Elle permet de modéliser la variation d'une variable quantitative en fonction de variables descriptives (ou facteurs).

Les variables explicatives sont: clone, cat, année, nb\_uc, ordre et position. Les variables ordre et position ont été codées en classe.

Du fait du grand nombre de facteurs, il est très difficile de réaliser un modèle initial complet. En effet, nous ne disposons pas ici d'un nombre suffisant d'individus pour pouvoir croiser l'ensemble des facteurs. Par conséquent on testera d'abord les effets catégorie d'axe, année de plantation et clone par des analyses de variance à deux facteurs séparées. Les facteurs 'cat' et 'année' sont des facteurs à deux modalités. Les effets des autres facteurs seront ensuite testés en fonction des résultats de ces deux premières ANOVA, par groupes de modalités si cela est nécessaire.

Les analyses ont été réalisées avec la procédure 'GLM' de SAS.

#### • Analyse de la variance à deux facteurs avec interaction

Soit A et B deux facteurs avec respectivement I et J modalités, le modèle est le suivant:

$$Y_{ijk} = \mu + \alpha_i + \beta_j + \gamma_{ij} + \epsilon_{ijk}$$

avec:

- $Y_{ijk}$  : la  $k^{ième}$  observation du groupe possédant les modalités  $i$  et  $j$  des facteurs
- $\mu$  : la moyenne générale
- $\alpha_i$  : effet du niveau  $i$  du facteur A
- $\beta_j$  : effet du niveau  $j$  du facteur B
- $\gamma_{ij}$  : effet d'interaction du niveau  $j$  sur le niveau  $i$
- $\epsilon_{ijk}$  : le terme d'erreur aléatoire

#### - Dans le cas de données équilibrées :

les contraintes appliquées au modèle sont:

- $\sum_{i=1}^I \alpha_i = 0$
- $\sum_{j=1}^J \beta_j = 0$

$$\begin{aligned} \bullet \quad \sum_{i=1}^I y_{ij} &= 0 \quad \forall j \\ \bullet \quad \sum_{j=1}^J y_{ij} &= 0 \quad \forall i \end{aligned}$$

et les estimateurs sont les suivants:

$$\begin{aligned} \hat{m} &= Y_{...} \\ \hat{\alpha}_i &= Y_{i..} - Y_{...} \\ \hat{\beta}_j &= Y_{.j.} - Y_{...} \\ \hat{\gamma}_{ij} &= Y_{ij.} - Y_{i..} - Y_{.j.} + Y_{...} \end{aligned}$$

La variabilité des écarts à la moyenne des Y se décompose alors en quatre sommes de carrés:

- $SCE_A$  : la variabilité due au facteur A

$$SCE_A = \sum_{ijk} (Y_{i..} - Y_{...})^2$$

- $SCE_B$  : la variabilité due au facteur B

$$SCE_B = \sum_{ijk} (Y_{.j.} - Y_{...})^2$$

- $SCE_{AB}$  : la variabilité due à l'interaction entre les deux facteurs

$$SCE_{AB} = \sum_{ijk} (Y_{ij.} - Y_{i..} - Y_{.j.} + Y_{...})^2$$

- $SCE_R$  : la variabilité résiduelle

$$SCE_R = \sum_{ijk} (Y_{ijk} - Y_{ij.})^2$$

$$\sum_{ijk} (Y_{ijk} - Y_{...})^2 = \sum_{ijk} (Y_{i..} - Y_{...})^2 + \sum_{ijk} (Y_{.j.} - Y_{...})^2 + \sum_{ijk} (Y_{ij.} - Y_{i..} - Y_{.j.} + Y_{...})^2 + \sum_{ijk} (Y_{ijk} - Y_{ij.})^2$$

Les différents effets sont ensuite testés par rapport à la variation résiduelle.

Source de variation	ddl	SCE	CM	F	P
A	I - 1	$SCE_A$	$SCE_A / (I - 1)$	$CM_A / CM_R$	
B	J - 1	$SCE_B$	$SCE_B / (J - 1)$	$CM_B / CM_R$	
A*B	(I - 1)(J - 1)	$SCE_{AB}$	$SCE_{AB} / (I - 1)(J - 1)$	$CM_{AB} / CM_R$	
résiduelle	n - IJ	$SCE_R$	$SCE_R / (n - IJ)$		

Dans notre étude, les données ne sont pas équilibrées et cette décomposition 'simple' en somme de carré des écarts n'est plus possible.



**-Dans le cas de données non équilibrées :**

La méthode générale du modèle linéaire Gaussien est appliquée.

- contraintes sur les paramètres : il faut s'assurer que la matrice  $X'X$  soit inversible (où  $X$  est la matrice du modèle  $Y = X\beta + U$ ,  $X$  est la matrice de dimensions  $n \times (1+I+J)$  contenant les observations des variables explicatives). Pour cela plusieurs jeux de contraintes sont possibles. Le logiciel SAS impose la nullité du dernier niveau des facteurs.

- $\alpha_I = 0$
- $\beta_J = 0$
- $\gamma_{IJ} = 0$

-Estimation des paramètres : le principe est de minimiser  $S$

$$S = \sum_{i=1}^I \sum_{j=1}^{n_i} n_{ij} e_{ij}^2$$

$n_{ij}$  est le nombre d'observations pour la combinaison des niveaux  $i$  et  $j$  des facteurs.

En dérivant  $S$  par rapport aux paramètres on obtient les équations normales dont la résolution conduit aux estimateurs des paramètres. Ici, et dans la suite de la présentation du modèle nous ne tiendrons pas compte de l'interaction afin de simplifier l'écriture des équations.

$$\left. \begin{array}{l} \frac{\partial S}{\partial \mu} = 0 \\ \frac{\partial S}{\partial \alpha_i} = 0 \\ \frac{\partial S}{\partial \beta_j} = 0 \end{array} \right\} \rightarrow \text{Equations normales} \rightarrow \hat{\mu}, \hat{\alpha}_i, \hat{\beta}_j$$

La moyenne de la modalité  $i$  du facteur  $I$  est estimée par  $\hat{\mu} + \hat{\alpha}_i$ . La valeur prise par cet estimateur est appelée moyenne ajustée et ne correspond pas dans le cas d'un modèle non orthogonal à la moyenne arithmétique calculée pour cette modalité. Il en est de même pour les moyennes des modalités du facteur  $B$ .

-Estimation de la variance résiduelle :

On montre que  $\frac{1}{\sigma^2} \sum_{ij} n_{ij} (y_{ij} - \hat{\mu} - \hat{\alpha}_i - \hat{\beta}_j)^2 \rightarrow \chi_{n-I-J+1}^2$

On prend comme estimateur de la variance

$$\hat{\sigma}^2 = \sum_{ij} n_{ij} \frac{(y_{ij} - \hat{\mu} - \hat{\alpha}_i - \hat{\beta}_j)^2}{n - I - J + 1}$$

-Tests des effets des facteurs :  
On peut écrire quatre modèles différents:

Modèle	Somme des carrés des résidus	Réduction
$Y_{ij} = \mu + E_{ij}$	$SCER_0 = \sum_{ij} n_{ij} (y_{ij} - \hat{\mu}^0)^2$	$R(\mu) = \sum_{ij} n_{ij} y_{ij}^2 - SCER_0$
$Y_{ij} = \mu + \alpha_i + E_{ij}$	$SCER_A = \sum_{ij} n_{ij} (y_{ij} - \hat{\mu}^A - \hat{\beta}_i^A)^2$	$R(\mu, \alpha) = \sum_{ij} n_{ij} y_{ij}^2 - SCER_A$
$Y_{ij} = \mu + \beta_j + E_{ij}$	$SCER_B = \sum_{ij} n_{ij} (y_{ij} - \hat{\mu}^B - \hat{\beta}_j^B)^2$	$R(\mu, \beta) = \sum_{ij} n_{ij} y_{ij}^2 - SCER_B$
$Y_{ij} = \mu + \alpha_i + \beta_j + E_{ij}$	$SCER = \sum_{ij} n_{ij} (y_{ij} - \hat{\mu} - \hat{\alpha}_i - \hat{\beta}_j)^2$	$R(\mu, \alpha, \beta) = \sum_{ij} n_{ij} y_{ij}^2 - SCER$

On part d'un modèle simple sans facteur et l'on teste ensuite la réduction de la résiduelle lorsque l'on introduit un facteur.

Dans les résultats du logiciel SAS, deux types de réduction apparaissent : la somme des carrés de type I et la somme des carrés de types III.

-Type I : Les réductions successives testées correspondent à un modèle de plus en plus complet. Ici,  $R(\mu)$ ,  $R(\alpha/\mu)$  et  $R(\beta/\alpha, \mu)$ . A chaque fois, on teste l'apport du nouveau facteur par rapport au modèle précédent.

-Type III : Chaque réduction est testée par rapport au modèle complet comprenant l'ensemble des autres facteurs. Dans ce type de résultats, il faut toutefois vérifier que les différents facteurs ne sont pas corrélés entre eux. En effet, si deux facteurs sont fortement corrélés, la part d'information apporté par chaque facteur par rapport au modèle complet sera quasiment nulle et les réductions non significatives alors que ces deux facteurs ont une influence sur la variable étudiée.

• **Analyse de la variance à plus de deux facteurs**

Lorsque l'analyse de la variance contient plus de deux facteurs, le modèle se complexifie de plus en plus mais la méthodologie reste la même que celle appliquée à l'anova à deux facteurs. On part d'un modèle simple auquel on ajoute les différents facteurs et l'on mesure la réduction de la variabilité résiduelle.

**4-2-2- Régression logistique**

La régression logistique permet d'étudier la relation entre les réponses discrètes d'une variable et une série de variables explicatives grâce à une fonction de lien. Ici, on cherche à modéliser une réponse binaire : 1 ramification de l'UC, 0 pas de ramification.

Comme pour le modèle linéaire général, le modèle peut s'écrire de façon matricielle:

$$E(Y) = f'(X\beta)$$

- avec : Y: le vecteur des observations de la variable à expliquée, connu et aléatoire (0,1)
- X: la matrice des variables explicatives de dimension  $n \times (1+J+I)$  connue et non aléatoire
- $\beta$  : un vecteur des paramètres à estimer, inconnu et non aléatoire
- f : une fonction de lien



Pour chaque axe, le nombre d'UC ramifiées suit une loi binomiale de paramètre n le nombre d'UC et p la probabilité de ramification dans le groupe auquel il appartient et qui peut varier en fonction de différentes variables explicatives.

Dans notre modèle :

$$p = f(\text{clone}, \text{position}, \text{ordre}, \text{nb\_uc})$$

La fonction de lien utilisée est la fonction logit.

-Estimation des paramètres: les paramètres sont estimés par la méthode du maximum de vraisemblance.

exemple, pour le facteur clone:

La variable clone a deux modalités 1 et 2, le modèle s'écrit alors:

$$\text{logit}(P) = \beta_0 + \beta_1 X_1 + \beta_2 X_2$$

Le logiciel SAS impose la nullité de la dernière modalité du facteur. Par conséquent,

$$\text{logit}(P) = \beta_0 + \beta_1 X_1 \quad \text{avec} \quad \begin{array}{ll} X_1 = 1 & \text{si clone} = '1' \\ X_1 = 0 & \text{si clone} = '2' \end{array}$$

-Interprétation des résultats:

On montre que l'odds-ratio, noté OR est égale à  $\exp(\beta_1)$

$$\text{OR} = \frac{P_1/1-P_1}{P_2/1-P_2}$$

$P_1 = P_2$	OR = 1	→ pas de différence entre les clones
$P_1 > P_2$	OR > 1	→ probabilité de ramification supérieure pour le clone 1
$P_1 < P_2$	OR < 1	→ probabilité de ramification supérieure pour le clone 2

Les régressions logistiques ont été réalisées avec la procédure 'GENMOD' de SAS.

#### 4-3- Les tests

##### 4-3-1- Comparaison de moyennes

-test de student

-statistique de test:

$$\bar{X}_1 - \bar{X}_2 \rightarrow N \left[ 0, \sigma^2 \left( \frac{1}{n_1} + \frac{1}{n_2} \right) \right]$$

alors

$$\frac{\bar{X}_1 - \bar{X}_2}{\sqrt{\sigma^2 \left( \frac{1}{n_1} + \frac{1}{n_2} \right)}} \rightarrow N(0, 1)$$

et donc

$$\frac{\bar{X}_1 - \bar{X}_2}{\sqrt{\left( \frac{1}{n_1} + \frac{1}{n_2} \right)}} \rightarrow T_{n_1 + n_2 - 2}$$

- interprétation du test:

On teste l'hypothèse  $H_0: \mu_1 = \mu_2$  contre  $H_1: \mu_1 \neq \mu_2$

On rejette l'hypothèse  $H_0$  lorsque 
$$\frac{\bar{X}_1 - \bar{X}_2}{\sqrt{\left(\frac{1}{n_1} + \frac{1}{n_2}\right)}} > T_{n_1+n_2-2; 1-\alpha/2}$$

#### 4-3-2- Comparaison de deux proportions

Il s'agit d'un test non paramétrique :

Soit deux populations comportant les proportions  $p_1$  et  $p_2$  d'un caractère A.

On note :  $n_{1A}$  et  $n_{2A}$  respectivement le nombre d'individus possédant le caractère dans les échantillons des populations 1 et 2 d'effectif  $N_1$  et  $N_2$ .

$N_A$  le nombre total d'individus possédant le caractère A

$N_{\bar{A}} = N - N_A$

La statistique de test s'écrit:

$$\hat{\chi}^2 = n \frac{(n_{1A}n_{2\bar{A}} - n_{1\bar{A}}n_{2A})^2}{N_1 N_2 N_A N_{\bar{A}}}$$

$\hat{\chi}^2 \rightarrow \chi^2_{1-\alpha}$  avec  $\nu = 1$  (degré de liberté)

Interprétation du test:

On teste  $H_0: 'p_1 = p_2'$  les proportions sont égales contre  $H_1: 'p_1 \neq p_2'$

L'hypothèse  $H_0$  est rejetée si  $\hat{\chi}^2 > \chi^2_{0.95}(1)$

#### 4-3-3- Comparaison de deux distributions

-test de Kolmogorov-Smirnov :

Statistique de test:

$d = \max |F_1 - F_2|$  F désignant les effectifs cumulés des distributions

Interprétation du test:

On teste  $H_0: 'les distributions sont identiques'$  contre  $H_1: 'les distributions sont différentes'$

la limite  $d_0$  prend la valeur:

$$d_0 = 1.36 \sqrt{\frac{n_1 + n_2}{n_1 * n_2}} \text{ pour } \alpha = 0.05$$

On accepte  $H_0$ , au risque  $\alpha$ , si  $d \leq d_0$ .

#### 4-3-4 Comparaison multiple des moyennes

- méthode de la plus petite différence significative.

Pour tester l'hypothèse  $H_0: \mu_1 = \dots = \mu_I$ , il existe  $I(I-1)/2$  comparaisons possibles de moyennes avec le test bilatéral de Student.

-Statistique de test : pour  $H_0 : \mu_1 = \mu_2$

$$t_{1,2} = \frac{|\mu_1 - \mu_2|}{S \sqrt{\frac{1}{n_1} + \frac{1}{n_2}}} \rightarrow T_{n_1 + n_2 - 2}$$

On rejette  $H_0$  lorsque  $t_{1,2} \geq t_{1-\alpha/2}$

Si  $\alpha$  est le risque de première espèce pour chaque test, alors le risque globale  $\alpha_G$  de cette procédure de test est supérieur à  $\alpha$  et augmente avec le nombre de comparaison.  $\alpha_G$  peut se calculer par:

$$\begin{aligned}\alpha_G &= 1 - \text{proba}(\text{ne pas se tromper sur les } I(I-1)/2 \text{ tests}) \\ &= 1 - (1 - \alpha)^{I(I-1)/2}\end{aligned}$$

le principe de cette méthode est de prendre  $\alpha$  tel que  $\alpha_G = 0.05$

alors 
$$\alpha = 1 - (1 - \alpha_G)^{2I(I-1)}$$

Une option 'LSD' dans la procédure 'GLM' de SAS permet de réaliser ce test de comparaison sur les moyennes des effets principaux indiqués dans la ligne 'means'.

Tableau 1 : Nombre d'unités de croissance des troncs

Clone GT1	Arbre 4	Arbre 6	Arbre 9	Arbre 10	Arbre 11	Moyenne
Nb_UC tronc	21	11	18	15	11	15.2

clone PB235	Arbre 5	Arbre 7	Arbre 8	Moyenne
Nb_UC tronc	22	17	25	21.3

Figure 1 : hauteur des troncs

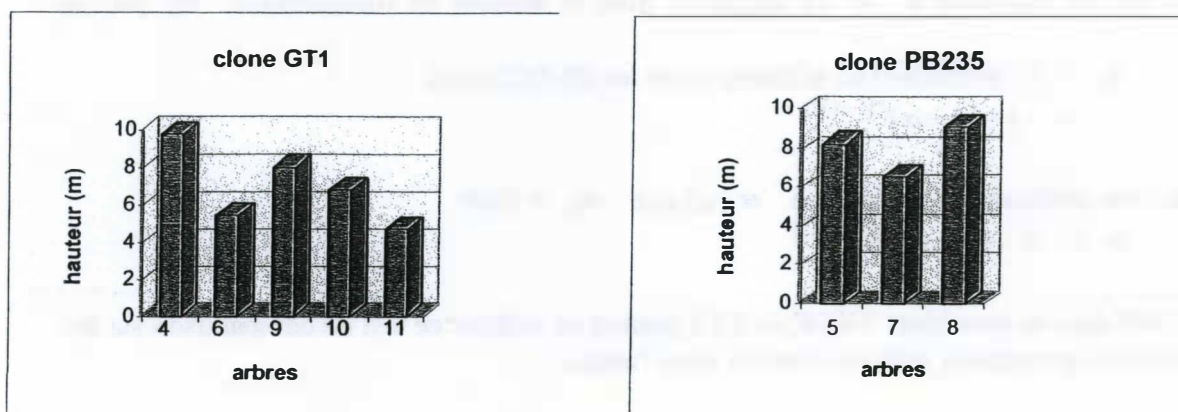
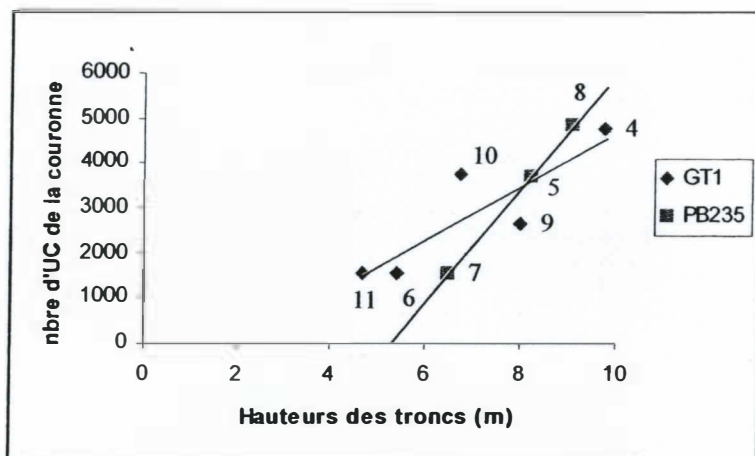


Figure 2 : Relation entre la hauteur des troncs et le développement de la couronne.



### **III. RESULTATS**

#### **III.-1-Résultats de l'analyse descriptive**

##### **1-1- Rapport tronc/couronne**

Sur les huit arbres de cette étude, les troncs des arbres du clone PB235 présentent globalement plus d'UC que ceux des arbres du clone GT1 (cf. tableau 1). Le nombre d'UC est compris entre 17 et 25 pour le clone PB235 et entre 11 et 21 pour le clone GT1.

Par contre, la différence est moins évidente au niveau des hauteurs des troncs. Ces hauteurs sont comprises entre 6.5 et 9.1 m pour PB235 et entre 4.71 et 9.77 m pour GT1 (cf. figure 1). En comparant les nombres d'UC et les hauteurs on remarque que des arbres du clone GT1, qui ont un tronc avec un nombre d'UC inférieur à ceux du clone PB235, ont une hauteur équivalente voire supérieure. C'est le cas pour les arbres 10 et 7 et les arbres 4 et 8. Les troncs des premiers ont respectivement 15 et 17 UC mais des hauteurs très proches (6.8 m contre 6.5 m); les deux autres ont 21 et 25 UC mais le tronc de l'arbre 4 a une hauteur supérieure (9.8 m contre 9.1 m). Il semblerait donc que le clone GT1 forme des UC plus longues que le clone PB235 (ces longueurs seront comparées dans la section 3-Les tests). Cependant, sur les huit arbres dont on dispose, on ne peut pas mettre en évidence de différence entre les hauteurs du tronc. On remarque seulement que deux arbres du clone GT1 ont un tronc plus petit.

La hauteur des troncs a été comparée au nombre d'UC total de la couronne (cf. figure 2).

- Pour une couronne d'environ 1500UC → hauteur du tronc de 4.5 à 6.5 m
- Pour une couronne de 2500-4500 UC → hauteur du tronc de 6.8 à 8.5 m
- Pour une couronne d'environ 5000 UC → hauteur du tronc de 9,1 et 9.7 m

Les arbres du clone PB235 et du clone GT1 ne se distinguent pas sur ce même graphique. Toutefois, on remarque que les arbres du clone GT1 sont assez dispersés alors que les trois points de PB235 sont alignés. S'agissant de seulement trois points, il est possible que cet alignement soit dû au hasard. Toutefois, pour ce clone, il pourrait exister une bonne relation linéaire entre le développement de la couronne et la hauteur du tronc. En faisant cette hypothèse, les arbres de petite 'taille' (couronne <2500UC) du clone PB235 auraient un tronc plus long que ceux du clone GT1.

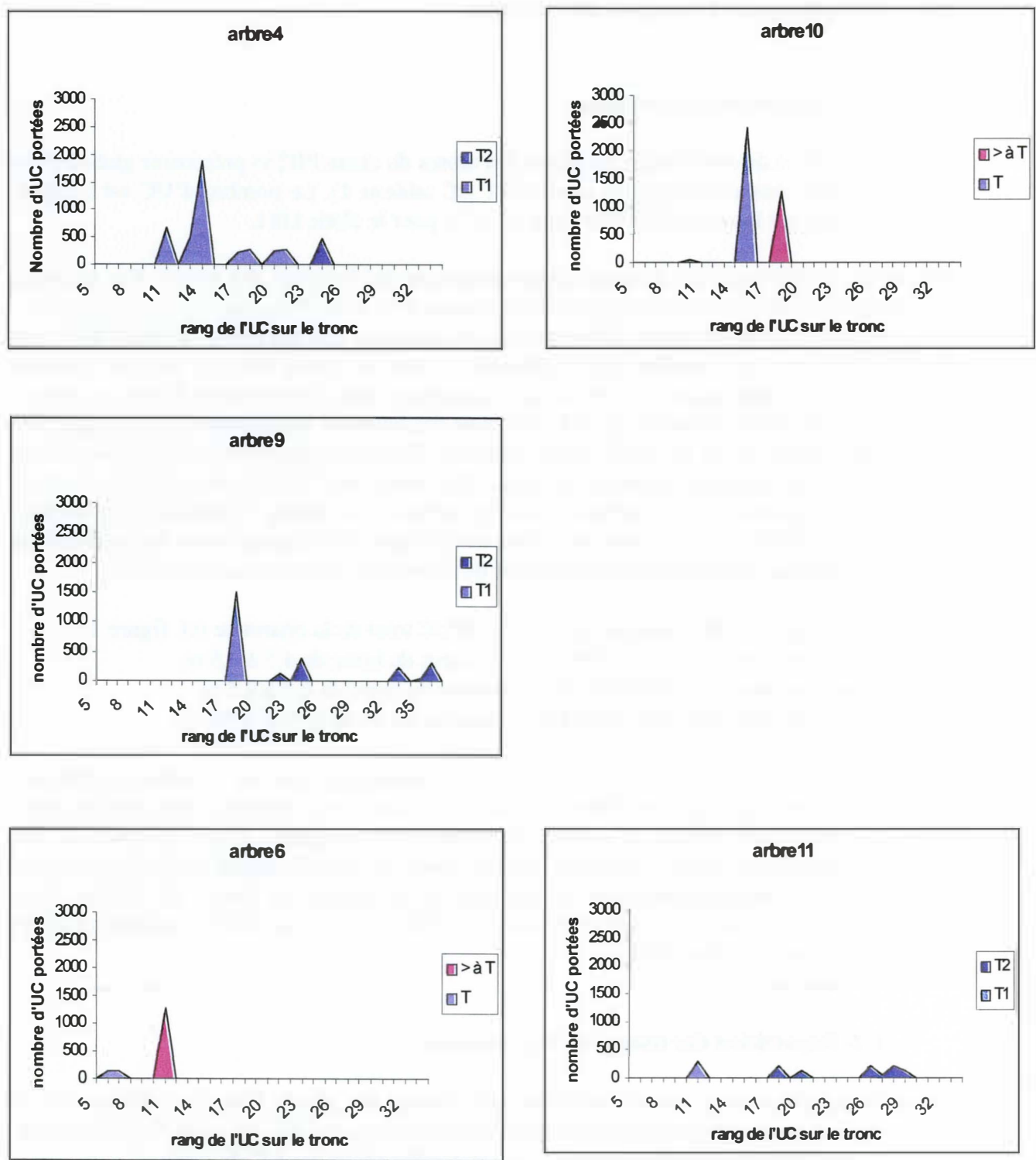
##### **1-2- Répartition des masses le long du tronc**

Les ramifications du tronc ont été analysées pour chacun des arbres. Dans les tableaux 2 et 3 ont été résumés pour chaque arbre le nombre de ramifications par UC du tronc, la présence ou non de réitérations et le nombre total d'UC de ces ramifications par UC du tronc.

- Quatre arbres ont un axe qui a pris le relais du tronc. A la mort du méristème apical de ce dernier, une des ramifications de la dernière UC s'est majoritairement développée et s'est redressée prenant le relais du tronc. Il s'agit des arbres 4, 9 et 11 du clone GT1 et de l'arbre 7 du clone PB235. Le signe '>' indique que l'axe se prolonge au-delà des UC

Figure 3 : Nombre total d'UC porté par rang sur le tronc

-Clone GT1





- Clone PB235

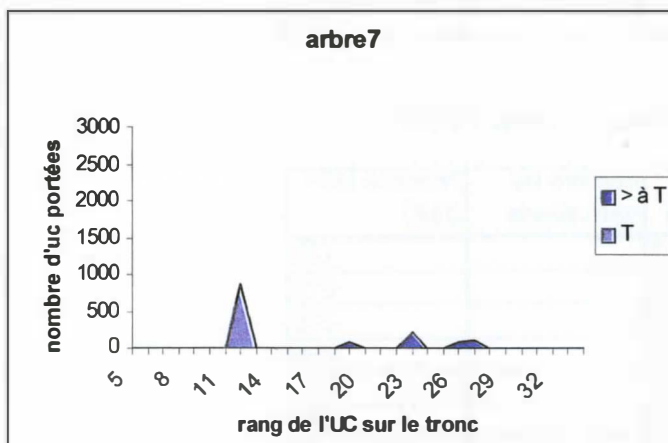
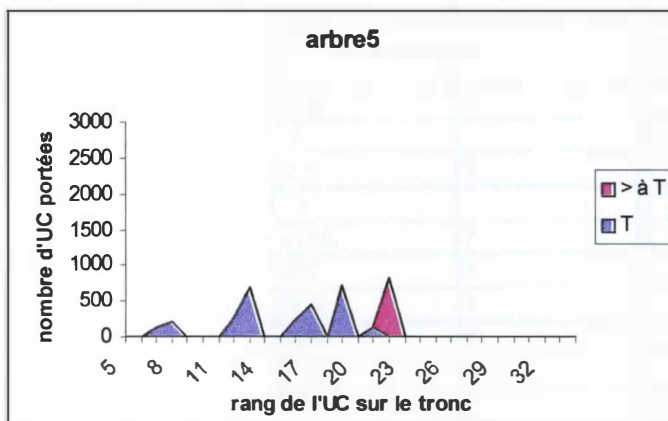
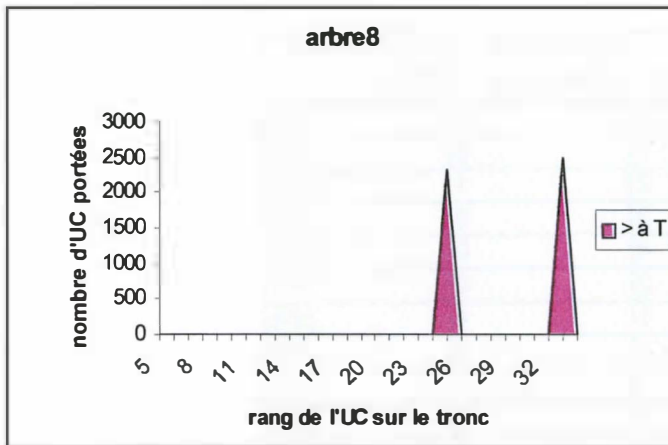


Tableau 5 : Résumé sur les ramifications du tronc - clone GT1.

	Rang de l'UC	nombre de ramifications	nombre de réitérations	Nombre total d'UC
arbre 4	11	2	0	682
4763 UC	13	1	0	493
	14	2	1	1880
	17	3	0	237
	18	4	0	280
	20	2	0	257
	21	1	1	268
	24	6	1	475
	24 >			191
arbre 6	6	1	0	149
1561UC	7	1	0	135
	11	3	2	1277
arbre9	18	2	2	1500
2635 UC	22	1		125
	24	1		394
	32	3		3
	33	1		241
	35	2		52
	36	5	2	302
arbre10	10	1		65
3758 UC	15	1	1	2412
	19	1	1	739
	19	1	1	539
arbre11	11	1	1	286
1526 UC	18	1		217
	20	1		129
	26	1		218
	27	1		53
	28	2		222
	29	1		136
	29 >			265

Tableau 6 : Résumé sur les ramifications du tronc – clone PB235

	Rang de l'UC	nombre de ramifications	nombre de réitérations	Nombre total d'UC
arbre5	7	1		130
3694 UC	8	2		213
	12	2		275
	13	6		699
	16	3		247
	17	4		462
	19	6		714
	21	2		141
	22	2	2	813
arbre7	12	2	1	855
1561UC	19	1		70
	23	2		228
	26	1		69
	27	5		118
	27 >			221
arbre 8	25	4	1	2334
4840 UC	33	3	1	2494

notées dans le tableau. Pour ces arbres l'architecture de la couronne est organisée autour du tronc et cet axe (appelé T2 ).

- Pour les autres arbres, la couronne se divise au sommet du tronc en deux branches maîtresses. Cette physionomie est connue pour présenter plus de risque de casse que la première.

Au niveau de la répartition des masses le long du tronc, le clone GT1 présente pour 3 arbres sur 5 un pic d'UC entre la 15ème et la 20ème UC (cf. figure 3). Ce pic correspond à une ou deux réitérations caractéristiques du type architectural du clone. Ces réitérations comportent le maximum d'UC portées pour ces arbres. Les arbres 11 et 7 du clone PB235 présentent aussi des réitérations sur le tronc mais de moindre importance.

En dehors de cette caractéristique, il est difficile de distinguer les deux clones. On trouve deux types d'arbres mais indifféremment chez les deux clones :

- des arbres qui présentent de nombreuses ramifications réparties le long du tronc (T1 ou T2) : les arbres 4, 9, 11, 5 et 7 ;
- des arbres qui présentent très peu à pas de ramifications sur le tronc et dont la majorité de la masse (des UC) de la couronne est insérée au-dessus du point de mortalité du tronc : les arbres 10, 6, et 8.

On note toutefois, dans ce dernier type d'arbres, que pour l'arbre 8 du clone PB235 les réitérations au-dessus du point de mortalité, sont beaucoup plus importantes (en nombre d'UC) que pour les deux autres arbres du clone GT1.

Et si l'on compare les deux arbres les plus développés de chaque clone, c'est à dire les arbres 4 et 8 (~ 4800UC), l'arbre 4 du clone GT1 présente une répartition des masses dispersée le long du tronc avec un maximum au niveau de l'UC 14 alors que pour l'arbre 8 l'ensemble des ramifications se situe sur la dernière UC du tronc.

### **1-3- Volume de bois**

#### **1-3-1- Relation entre le volume du tronc et le volume de la couronne**

Les volumes estimés des troncs ainsi que des axes relais (T2) figurent dans le tableau 4, les volumes estimés des couronnes dans le tableau 5.

Le volume estimé 'total' de la couronne correspond à la somme des volumes des axes principaux et du volume du tronc T2.

Sur la figure 4 est représenté le volume total de la couronne en fonction du volume du tronc. Le volume de la couronne dépend du nombre d'UC de la couronne et de l'âge de l'arbre. En haut à droite du graphique on trouve les deux arbres les plus 'forts', de l'année 86, l'arbre 8 et l'arbre 10. En bas à droite, les arbres 6 et 7, deux arbres de l'année 90 et peu développés (~ 1500UC).

Au centre, les arbres de 86 avec une couronne moins développée (11 et 9) et les arbres de 90 avec au contraire une couronne très développée, supérieure à 3500UC (4 et 5).



Tableau 4 : Volume des troncs (T1) et pour certains arbres de l'axe qui a pris le relais du tronc (T2).

n° arbre	Volume T1 (dm <sup>3</sup> )	Volume T2 (dm <sup>3</sup> )
4	160	9
6	102	-
9	236	67
10	268	-
11	110	98
5	240	-
7	123	-
8	347	-

Tableau 5 : Volume total de la couronne.

n° arbre	Somme volumes axes principaux (dm <sup>3</sup> )	Volume T2 (dm <sup>3</sup> )	Volume total couronne (dm <sup>3</sup> )
4	166	9	175
6	91	-	91
9	135	67	202
10	358	-	358
11	107	98	205
5	207	-	207
7	114	-	114
8	395	-	395

Figure 4 : Relation entre le volume du tronc (T1) et le volume de la couronne.

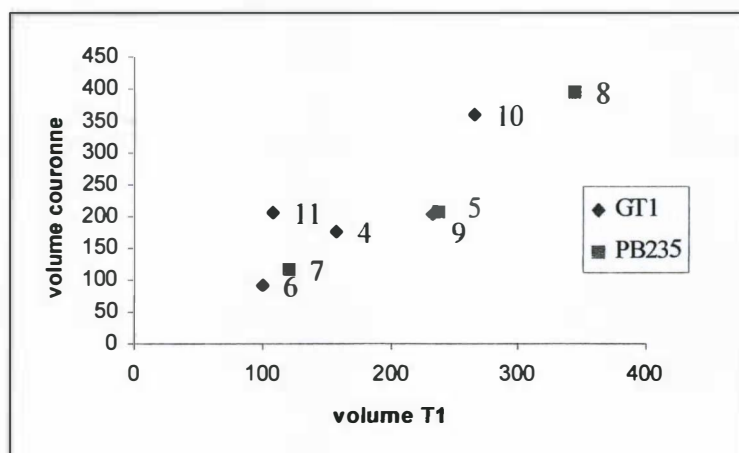


Figure 5 : Représentation du volume cumulé par ordre pour les arbres du clone GT1.

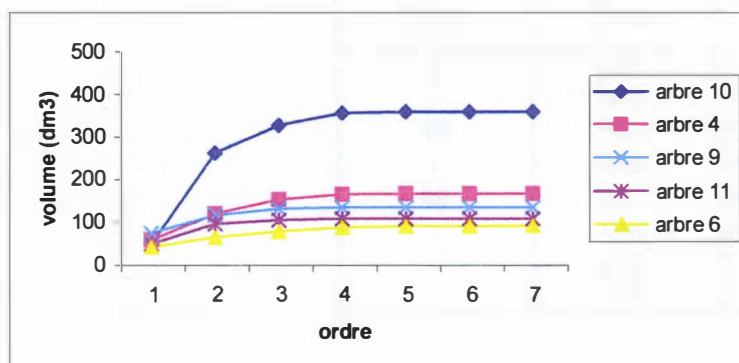
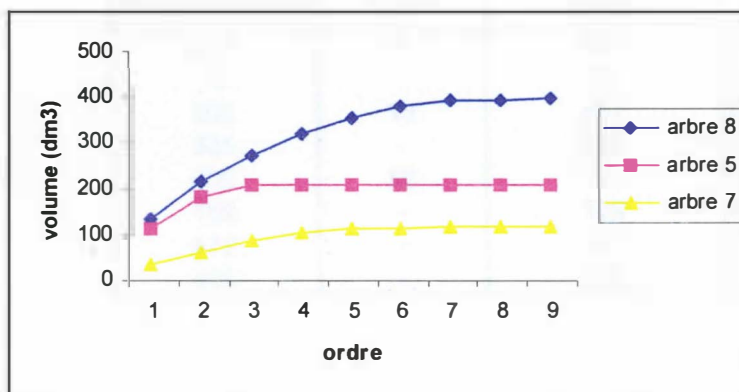


Figure 6 : Représentation du volume cumulé par ordre pour les arbres du clone PB235.





### **1-3-2- Répartition des masses à l'intérieur de la couronne**

#### **- Répartition du volume en fonction de l'ordre**

Pour le clone GT1, les trois premiers ordres de ramification regroupent la quasi-totalité du volume des axes principaux (cf. figure 5). Pour l'arbre 10, l'augmentation du volume est surtout importante à l'ordre 2.

Pour le clone PB235, pour deux arbres (8 et 7) l'augmentation du volume en fonction de l'ordre est plus graduelle (cf. figure 6). Le volume continue d'augmenter jusqu'aux ordres 5 ou 6.

La différence entre les deux clones est très claire pour les deux arbres de fort volume (10 et 8). Le volume de l'arbre 8 (PB235) est distribué entre les ordres 1 à 6 alors que pour l'arbre 10 (GT1) le volume est concentré sur les deux premiers ordres.

#### **- Répartition du volume par position**

Les arbres du clone GT1 présentent autour des positions 15 et 20 un premier pic de volume (cf. figure 7). Pour certains arbres, une deuxième 'zone de croissance' de moindre importance est visible dans les positions supérieures.

Deux arbres du clone PB235 montrent aussi un pic de volume dans les premières positions (cf. figure 8). Mais au contraire du clone GT1 où le volume reste faible dans les positions supérieures, il semble qu'il soit ici beaucoup plus important. L'arbre 8 présente un deuxième pic de volume égal au premier autour de la position 45. L'aspect particulier de l'arbre 5 pour le clone PB235 dans les deux cas (position et ordre) est semble-t-il dû au fait que cet arbre possède de nombreuses ramifications le long du tronc et une couronne peu développée au-dessus du tronc (813 UC) (cf. tableau 3). La majorité du volume serait 'contenu' dans ces axes le long du tronc (ordre 1) et dans leurs ramifications (ordre 2).

Lorsque l'on regarde la distribution entre les ordres par position, on remarque, qu'excepté pour l'arbre 6, les ordres se succèdent au fur et à mesure des positions pour le clone GT1 alors que pour le clone PB235, les ordres ont tendance à se superposer.

D'autre part, les ordres supérieurs à trois sont pratiquement inexistantes pour le clone GT1, alors que le clone PB235 présentent un volume jusqu'à l'ordre 7 à 8, ce qui rejoint les premières observations faites sur la répartition du volume en fonction de l'ordre.

Pour le clone GT1, le volume est concentré dans les premiers ordres de ramifications et dans les positions 'basses' de l'arbre. Il semble par contre que le clone PB235 édifie plus de ramifications successives d'où des ordres plus importants. Le volume est réparti de façon plus homogène dans l'ensemble de la couronne.

Figure 7 : Répartition du volume entre les ordres par position.

-Clone GT1

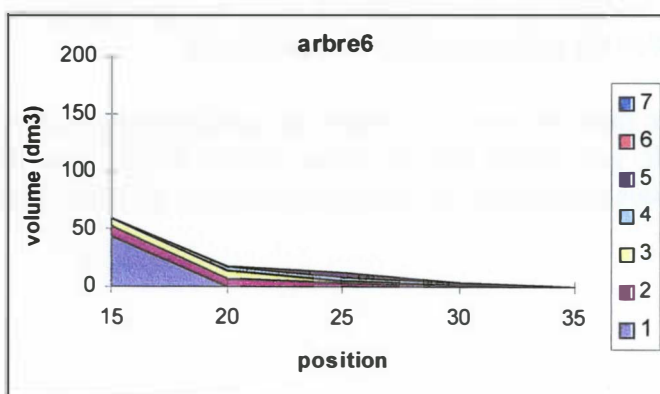
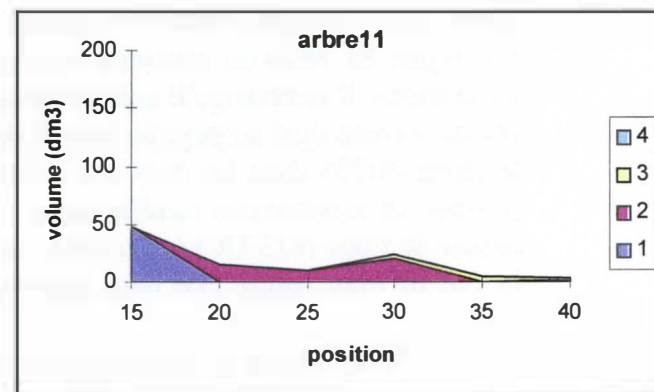
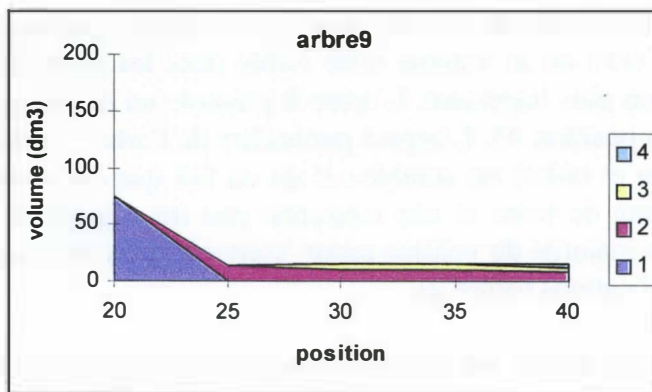
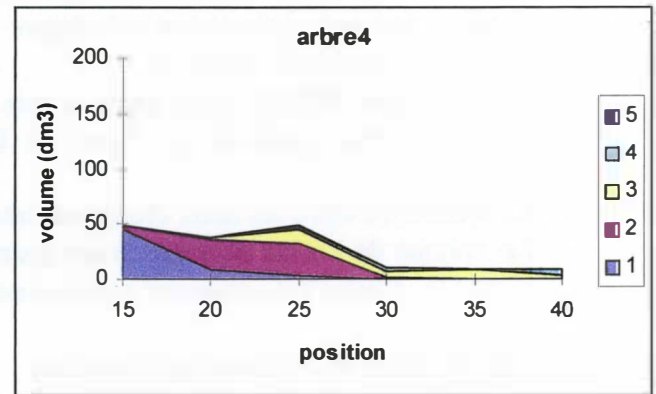
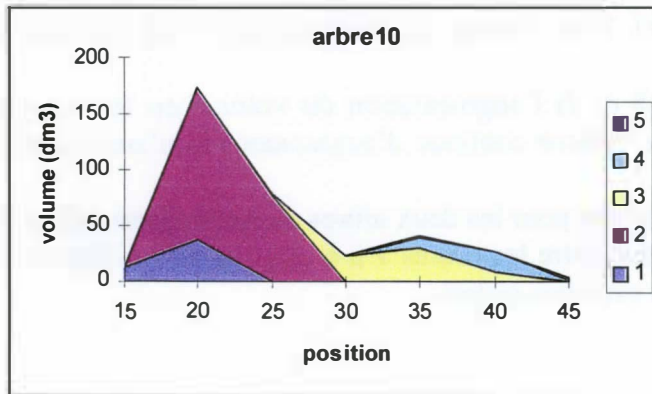


Figure 8 : Répartition du volume entre les ordres par position

-Clone PB235

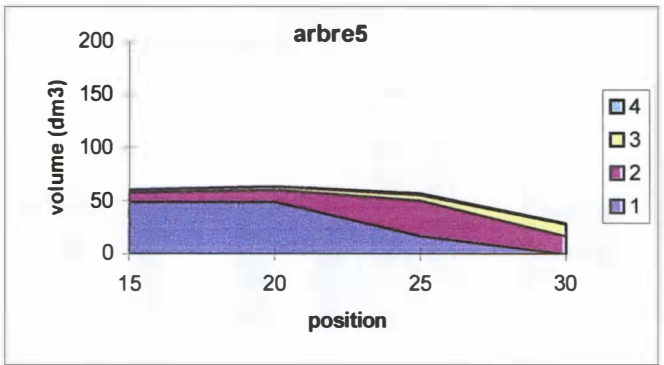
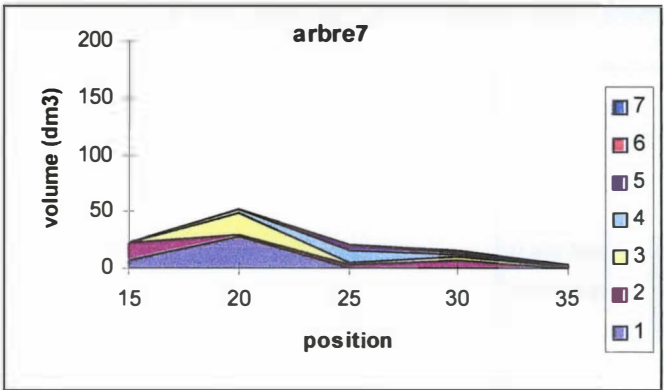
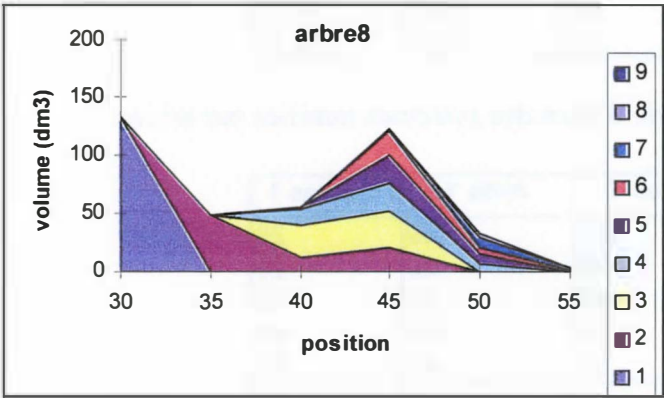


Tableau 6 : Proportions des catégories d'axes des systèmes ramifiés périphériques par clone.

catégorie	Nombre d'axes		Pourcentage	
	GT	PB	GT	PB
0	355	442	51,45	57,33
1	335	328	48,55	42,54

Tableau 7 : Proportions des catégorie d'axes des systèmes ramifiés par arbres.

Année	n° arbre	Axes 0	Axes 1	% Axes 1
90	4	151	59	28
90	6	50	20	29
86	9	62	86	58
86	10	54	121	69
86	11	38	49	56
90	5	134	70	34
90	7	77	48	38
86	8	231	210	48

Figure 9 : Représentation des proportions des catégories d'axes pour les deux clones.

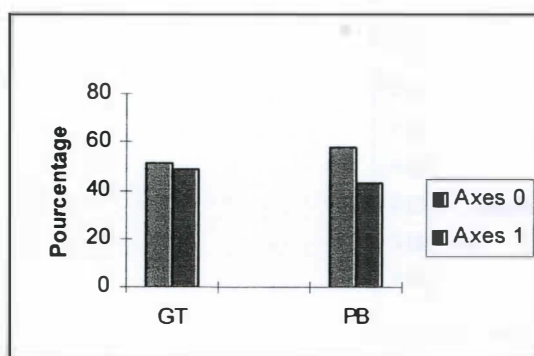
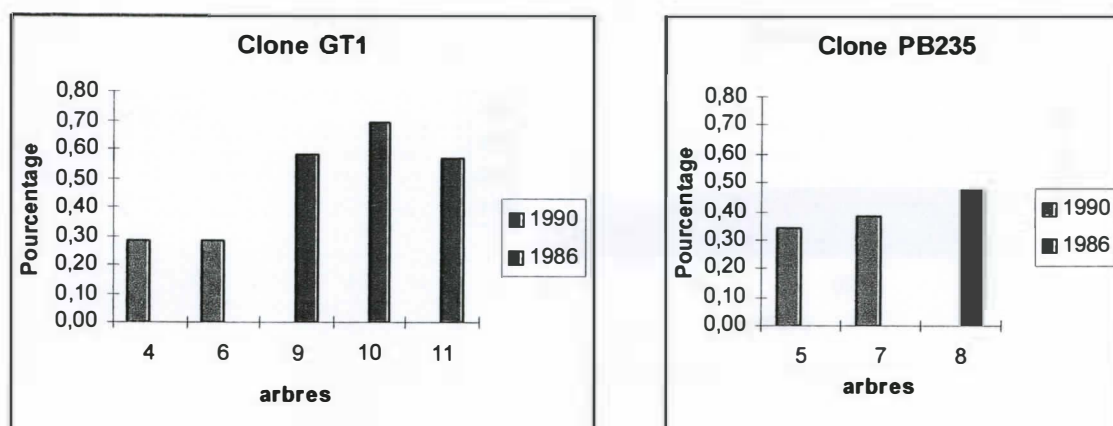


Figure 10 : Représentation des pourcentages des axes 1 par arbres.



## **1-4- Les systèmes ramifiés périphériques**

### **1-4-1- Proportion des catégories d'axes**

Rappel : on a séparé les axes périphériques en deux catégories en fonction de leur ordre relatif. Les axes de catégorie 0 et 1 sont respectivement des axes d'ordre relatif 0 et 1. Ces derniers sont des ramifications d'un système périphérique plus grand.

**-Pour les clones** (cf. tableau 6 et figure 9) : le clone GT1 montre globalement une proportion d'axes de catégorie 1 plus élevée que le clone PB235, 48.55% contre 42.54 %.

**-Pour les arbres** (cf. tableau 7 et figure 10) : Les arbres de l'année 1986 ont une proportion d'axes 1 supérieure aux arbres plus jeunes de 1990. La différence apparaît surtout pour le clone GT1.

### **1-4-2- Longueur en nombre d'UC des axes périphériques**

Les profils moyens par nombre d'UC (cf. figure 11) montrent que les distributions pour les deux clones sont proches. Elles ont un mode identique, 3UC et ont globalement une forme similaire. La distribution du clone PB235 est seulement moins étendue (le maximum d'UC pour les axes de ce clone est de 14 alors que le clone GT1 possède des axes supérieurs à 15 UC).

### **1-4-3- Profils des axes par ordre**

Sur les huit arbres, on a mis en évidence deux types de profils indifféremment des deux clones. Pour certains arbres, la courbe est plutôt étroite avec un maximum supérieur à 40%, pour d'autres elle est platicurtique (cf. figure 12).

Lorsque l'on regroupe les arbres par type de profils (cf. figure 13), on ne peut pas faire de distinction entre les clones. Les arbres du premier groupe ont un maximum d'axes pour l'ordre trois à l'exception de l'arbre 10 dont la courbe est légèrement décalée avec un maximum à l'ordre 4. Pour les trois autres arbres la distribution est très dispersée.

Cette différence de profils n'étant due ni à l'âge de l'arbre, ni à l'importance du développement de celui-ci, on a émis l'hypothèse qu'elle pourrait être liée à l'état de l'arbre. En effet, indépendamment de l'âge, on peut distinguer chez les arbres, plusieurs états physiologiques : les arbres 'en devenir' qui possèdent encore un potentiel de croissance, les arbres qui atteignent le maximum de leur potentiel et les arbres sur le déclin. Le premier type de courbe pourrait correspondre à des arbres 'en devenir' et le second à des arbres qui ont atteint le maximum de leur développement.

Figure 11: Profils moyens par nombre d'UC des axes des systèmes périphériques pour les deux clones.

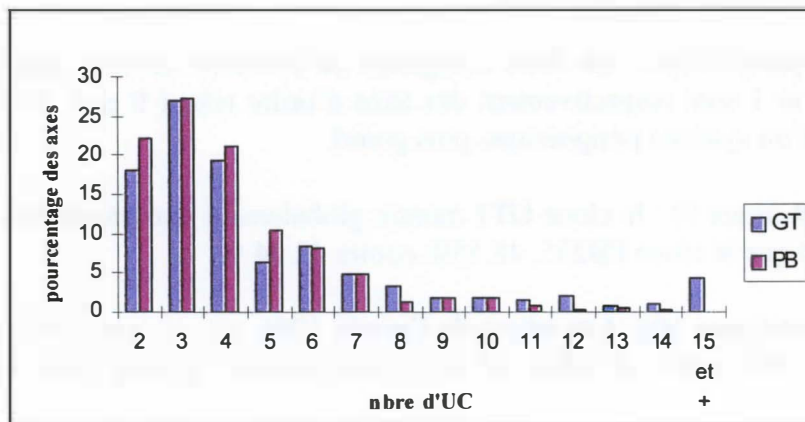
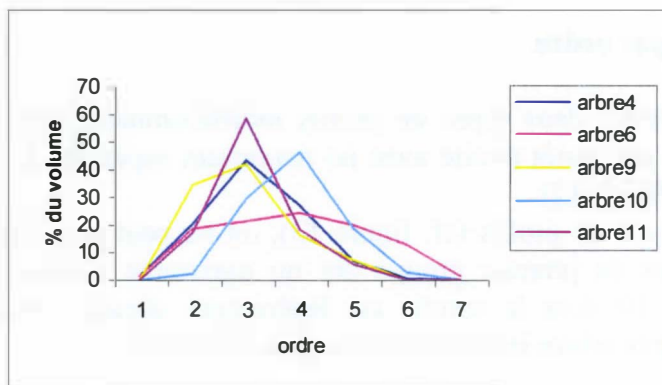


Figure 12 : Profils des axes périphériques par ordre.

-Clone GT1



-Clone PB235

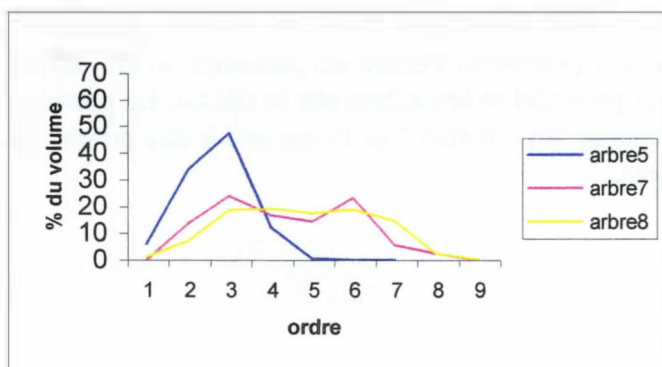
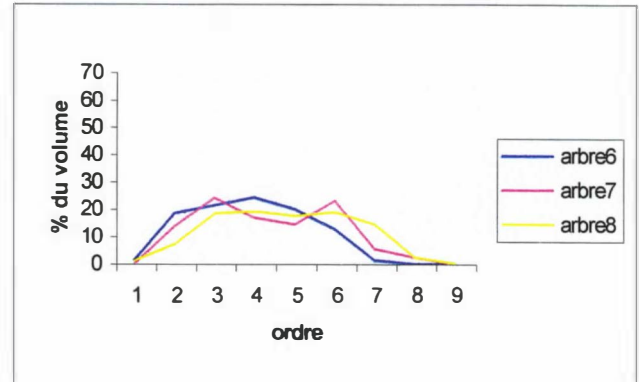
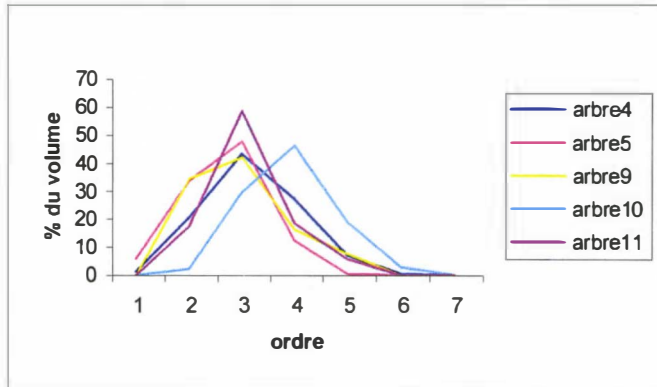




Figure 13 : Représentation du profils des arbres en fonctions de leur type.





### **III.-2- Les modèles**

#### **2-1- Résultats des analyses de la variance à deux facteurs avec interactions**

##### **-Test du facteur catégorie pour les arbres adultes**

Pour les deux analyses de la variance, concernant les caractères PUCRAM (le pourcentage d'UC ramifiées) et NBRUCR (le nombre de rameaux par UC), l'interaction entre les facteurs clone et catégorie n'est pas significative (cf. tableau 8 et 9). Par contre il existe un effet du facteur catégorie et du facteur clone.

Ces analyses montrent que les caractères diffèrent en fonction de la catégorie de l'axe mais cette différence est la même pour les deux clones, l'interaction clone\*catégorie étant non significative.

Par conséquent pour la suite de l'analyse, on a choisi de limiter l'étude aux seuls axes de la catégorie 0 pour ces deux variables.

##### **-Test du facteur année pour les arbres adultes**

Pour la variable PUCRAM (cf. tableau 8), l'interaction et le facteur année sont significatifs ( $p < 0.01$  et  $p < 0.001$  respectivement) mais pas le facteur clone. Par conséquent, on réalisera pour cette variable, deux modèles séparés, un pour les arbres de 7 ans et un pour les arbres de 11 ans.

Pour la variable NBRUCR (cf. tableau 9), l'interaction est significative ( $p < 0.05$ ) mais pas le facteur 'année' ne l'est pas et le facteur clone reste très significatif ( $p < 0.001$ ). Par conséquent on a choisi de conserver l'ensemble des arbres à l'intérieur d'un même modèle sans faire de distinction entre les âges.

##### **-Test du facteur parcelle pour les jeunes arbres (étude 1990)**

Pour la variable PUCRAM, l'interaction est significative ( $p < 0.01$ ) (cf. tableau 10).

Pour la variable NBRUCR, l'interaction et le facteur 'parcelle' sont significatifs (cf. tableau 11).

Ces analyses mettent en évidence une différence entre les deux parcelles. Pour la suite de l'analyse, pour chaque variable, deux modèles seront réalisés, un pour chacune des parcelles.

#### **2-2- Résultats de la modélisation**

##### **2-2-1-Analyses de la variance**

###### **2-2-11. Pourcentage d'UC ramifiées**

###### **- les arbres adultes**

Le modèle initial comprend les variables explicatives 'clone', 'position', 'NB-UC' (longueur des axes) et 'ordre', ainsi que les interactions du 1<sup>er</sup> et du 2<sup>nd</sup> ordre pour les trois dernières variables (cf. annexes).

Tableau 8: Tests F de l'ANOVA de la variable PUCRAM pour les facteurs 'catégorie' et 'année' des arbres adultes. Somme des carrés de type III.

<i>Source de variation</i>	<i>ddl</i>	<i>Carré moyen</i>	<i>F</i>
Clone	1	0,128	5,71**
Catégorie	1	0,121	5,42*
Clone*catégorie	1	0,001	0,02 ns

<i>Source de variation</i>	<i>ddl</i>	<i>Carré moyen</i>	<i>F</i>
Clone	1	0,054	2,48 ns
Année	1	0,810	37,16***
Clone*année	1	0,234	10,73***

\* = significatif à 5%

\*\* = significatif à 1%

\*\*\*= significatif à 1‰

ns: non significatif

Tableau 9: Test F de l'ANOVA de la variable NBRUCR pour les facteurs 'catégorie' et 'année' des arbres adultes. Somme des carrés de type III.

<i>Source de variation</i>	<i>ddl</i>	<i>Carré moyen</i>	<i>F</i>
Clone	1	223,8	83,68***
Catégorie	1	46,89	17,53***
Clone*catégorie	1	4,3	1,61 ns

<i>Source de variation</i>	<i>ddl</i>	<i>Carré moyen</i>	<i>F</i>
Clone	1	219,53	81,35***
Année	1	0,178	0,07 ns
Clone*année	1	14,61	5,42*

\* = significatif à 5%

\*\*\*= significatif à 1‰

ns: non significatif

Tableau 10: Test F de l'ANOVA de la variable PUCRAM pour le facteur 'parcelle' des arbres jeunes. Somme des carrés de type III.

<i>Source de variation</i>	<i>ddl</i>	<i>Carré moyen</i>	<i>F</i>
Clone	1	0,810	29,03***
Parcelle	1	0,026	0,93 ns
Clone*parcelle	1	0,287	10,27**

\*\* = significatif à 1%

\*\*\*= significatif à 1‰

ns: non significatif

Tableau 11: Test F de l'ANOVA de la variable NBRUCR des arbres jeunes pour le facteur 'parcelle'. Somme des carrés de type III.

<i>Source de variation</i>	<i>ddl</i>	<i>Carré moyen</i>	<i>F</i>
Clone	1	89,58	37,23***
Parcelle	1	10,93	4,3*
Clone*parcelle	1	12,5	4,92*

\* = significatif à 5%

\*\*\*= significatif à 1‰

Tableau 12: Résumé de l'ANOVA pour le modèle final de la variable PUCRAM. Modèle pour les arbres plantés en 1990 (1) et en 1986 (2). Somme des carrés de type III.

<i>Source de variation</i>	<i>ddl</i>	<i>Carré moyen</i>	<i>F</i>
Clone	1	0,013 (1)	0,58 (1) ns
		0,147 (2)	8,11 (2)**
Position	4 (1)	0,049 (1)	2,20 (1)ns
	7 (2)	0,053 (2)	2,97 (2)**
NB_UC	6	0,049 (1)	2,21 (1)*
		0,020 (2)	1,09 (2) ns
Position*Nb_UC	22 (1)	0,036 (1)	1,65 (1)*
	21 (2)	0,042 (2)	2,32 (2)***
R <sup>2</sup>	0,22 (1)	0,25 (2)	

\* = significatif à 5%

\*\* = significatif à 1%

\*\*\*= significatif à 1‰

ns: non significatif

Tableau 13 : Résumé de l'ANOVA pour le modèle final de la variable PUCRAM des arbres jeunes pour les parcelles P36 (1) et P37 (2). Somme des carrés de type III.

<i>Source de variation</i>	<i>ddl</i>	<i>carré moyen</i>	<i>F</i>
Clone	1	0,014 (1)	0,79 (1) ns
	1	0,100 (2)	4,32 (2)*
R <sup>2</sup>	0,02(1)	0,06 (2)	
Moyenne GT1	0,52(1)	0,40 (2)	
Moyenne PB235	0,57 (1)	0,32 (2)	

\*\*\*= significatif à 1‰

ns: non significatif





Les mêmes facteurs sont conservés dans modèle final pour les années 1990 et 1986. On note que le facteur 'ordre' n'entre pas dans le modèle.

Ces résultats (cf. tableau 12) montrent que le pourcentage d'UC ramifiées varie en fonction de la position de l'axe dans l'arbre et en fonction de son nombre d'UC pour une même position, et ceci quel que soit l'âge de l'arbre.

Par contre l'effet du clone n'est pas le même suivant l'âge de l'arbre ce qui est un peu étonnant. Il est significatif pour les arbres de 11 ans mais pas pour ceux de 7 ans. En regardant les moyennes des arbres on se rend compte que cette différence est due principalement aux trois arbres du clone GT1 de l'année 1986 qui ont une moyenne supérieure. Cette différence est difficilement explicable. Cela montre que ce caractère architectural est peut-être difficilement modélisable de cette façon. Nous avons donc appliqué par la suite un modèle logistique.

#### - les arbres jeunes

Le modèle initial est un modèle complet avec les variables explicatives 'clone' et 'NB\_UC', le nombre d'UC du tronc.

L'interaction et le facteur 'NB\_UC' se sont révélés non significatifs pour les deux parcelles.

Pour les arbres de 3 ans (P36) (cf. Tableau 13), l'effet clone est non significatif et pour les arbres de 2 ans (P37) il est faiblement significatif ( $p < 0.05$ ). Mais on voit que le facteur clone intervient très peu dans la variation existant pour ce caractère, les  $R^2$  étant de 0.02 et 0.06.

### 2-2-12. Nombre de rameaux par UC

#### - les arbres adultes

Le modèle initial est le même que pour la variable PUCRAM. Au final ce sont aussi les mêmes facteurs qui sont retenus aussi (cf. tableau 14). La variable 'ordre' n'intervient pas.

Comme pour la variable PUCRAM, ce modèle permet de ne modéliser qu'une petite partie de la variation du caractère NBRUCR ( $R^2 = 0.25$ ), mais on met ici en évidence un effet 'Clone' très significatif ( $p < 0.001$ ). Le clone GT1 édifie plus de rameaux par UC que le clone PB235.

#### - les arbres jeunes

Le modèle initial est identique à celui de la variable PUCRAM.

Pour les arbres de 3 ans (P36), l'analyse de la variance montre que les différents effets dont celui du facteur clone sont non significatifs (cf. tableau 15).

Pour les arbres de 2 ans (P37), le facteur 'clone' est significatif à 1%.

Cette différence entre les parcelles apparaît être liée à la différence de taille des troncs. Pour les arbres de 2 ans, la majorité des troncs ont un nombre d'UC compris entre 3 et 9 UC et pour les arbres de 3 ans, entre 9 et 13 UC (cf. p21 des annexes). Les moyennes des clones montrent que le nombre de rameaux est plus faible pour les arbres de deux ans et que celui-ci augmente avec le nombre d'UC des troncs. Pour les troncs de petite taille, les différences sont significatives entre les clones: le clone GT1 édifie plus de rameaux que le clone PB235. Par contre cette différence ne se retrouve plus au niveau des troncs plus grands.

Tableau 14: Résumé de l'ANOVA pour le modèle final de la variable NBRUCR des arbres adultes. Somme des carrés de type III.

<i>Source de variation</i>	<i>ddl</i>	<i>carré moyen</i>	<i>F</i>
Clone	1	123,14	50,83***
NB UC	6	15,77	6,51***
Position	7	12,05	4,98***
Position*NB_UC	37	4,01	1,66**
R <sup>2</sup>		0,25	
Moyenne GT1		3,30	
Moyenne PB235		2,40	

\*\* = significatif à 1%

\*\*\*= significatif à 1‰

Tableau 15: Résumé de l'ANOVA pour le modèle final de la variable NBRUCR des arbres jeunes pour les parcelles P36 (1) et P37 (2). Somme des carrés de type III.

<i>Source de variation</i>	<i>ddl</i>	<i>carré moyen</i>	<i>F</i>
Clone	1	1,04 (1)	0,34 (1) ns
	1	13,44 (2)	7,06(2)**
R <sup>2</sup>		0,01 (1)	0,10 (2)
Moyenne GT1		4,45 (1)	3,40 (2)
Moyenne PB235		4,80 (1)	2,46 (1)

\*\*\*= significatif à 1‰

ns: non significatif

Tableau 16: Résumé des ANOVA de la variable 'NB\_UC' des arbres adultes. Somme des carrés de type III.

<i>NB_UC des axes</i>	<i>Source de variation</i>	<i>ddl</i>	<i>Carré moyen</i>	<i>F</i>
2 UC	Arbre	7	14,98	27,18***
	Axe(arbre)	375	0,55	1,07 ns
3 UC	Arbre	7	11,78	9,43***
	Axe(arbre)	284	1,25	0,56 ns
4 UC	Arbre	7	10,22	8,51***
	Axe(arbre)	284	1,15	0,52 ns
5 UC	Arbre	7	9,55	6,41***
	Axe(arbre)	124	1,49	0,51 ns
6 UC	Arbre	7	20,87	9,17***
	Axe(arbre)	118	2,27	0,67 ns
8 UC	Arbre	7	34,38	6,51***
	Axe(arbre)	86	5,28	1,30*

\* = significatif à 5%

\*\* = significatif à 1%

\*\*\*= significatif à 1‰

ns: non significatif

Figure 14 : Représentation des longueurs moyennes des ramifications par clones.

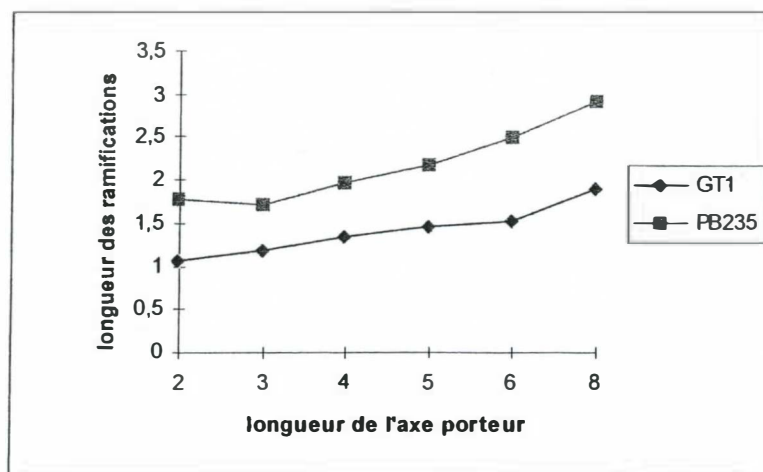


Tableau 17 : Résultats de la régression logistique pour la variable PUCRAM des arbres adultes plantés en 1990 (1) et en 1986 (2). Somme des carrés de type III.

Source de variation	ddl	Chi <sup>2</sup>	p> Chi <sup>2</sup>
Clone	1	0,228 (1)	0,64 (1)
	1	2,958 (2)	0,085 (2)
Position	4	25,930 (1)	0,0001 (1)
	7	10,577 (2)	0,158 (2)
NB_UC	6	27,678 (1)	0,0001 (1)
	6	3,967 (2)	0,6811 (2)
Position*NB UC	16	27,453 (2)	0,0367 (2)



### **2-2-13. Longueur en nombre d'UC des ramifications des axes**

Pour comparer la longueur des ramifications des axes périphériques des deux clones, les axes périphériques ont été regroupés en classe suivant leur nombre d'UC. Pour chaque classe, on a ensuite réalisé une analyse de la variance sur l'ensemble des ramifications. L'effet du facteur arbre a été testé par rapport à la variation entre les axes à l'intérieur des arbres. Il est très significatif ( $p < 0.001$ ) pour l'ensemble des ANOVAs (cf. tableau 16). Par conséquent il existe des différences importantes entre les arbres.

La figure 14 représente, pour chaque classe, la moyenne du nombre d'UC des ramifications par clone. Quelle que soit la longueur de l'axe porteur, la moyenne du clone PB235 est supérieure à celle du clone GT1 et l'écart entre les moyennes des clones reste relativement constant.

### **2-2-2- Régression logistique**

La régression logistique donne un modèle final identique à l'analyse de la variance que ce soit pour l'année 1990 ou pour l'année 1986 (cf. tableau 17). En plus du facteur clone, les facteurs NB\_UC, position ainsi que l'interaction de ces deux derniers facteurs sont conservés.

Par contre, cette analyse ne met pas en évidence de différences pour l'année 1986 contrairement à l'ANOVA. Ici, dans les deux modèles, le facteur clone est non significatif ( $p = 0.64$  (90) et  $p = 0.08$  (86)).

Ces résultats montrent toutefois que les résultats de l'analyse de la variance ne sont pas dus à un 'problème de données', les résultats de cette régression logistique étant similaires à ceux de l'ANOVA.

Tableau 18 : Moyennes des longueurs des UC des troncs.

- Clone GT1

	arbre4	arbre6	arbre9	arbre10	arbre11	clone
Moyenne LONG	465,0	494,5	445,6	463,0	428,2	459,3
Ecartype LONG	108,7	105,1	121,2	61,3	144,3	24,7
n	9	11	18	10	11	5

-Clone PB235

	arbre5	arbre7	arbre8	clone
Moyenne LONG	433,333333	550	363,6	449,0
Ecartype LONG	182,474573	145,87666	157,185665	94,2
n	12	6	25	3



### III.-3- Les Tests

#### 3-1- Comparaison des longueurs des UC du tronc

Pour le clone GT1, les différences entre les moyennes des arbres ne sont pas significatives. Par contre, pour le clone PB235, les UC sont moins longues pour l'arbre 8.

arbre5	arbre 7	arbre 8
_____		_____

Mais il faut prendre ces résultats avec précaution, car pour les arbres 7 et 5 on ne dispose que des UC de la partie supérieure du tronc. Si l'on compare ces moyennes aux dix dernières UC du tronc de l'arbre 8 les différences ne sont plus significatives; l'arbre 8 présente en effet des UC courtes sur la partie basse.

Si l'on considère que les arbres 7 et 5 suivent le même schéma, alors sur l'ensemble des UC du tronc les moyennes du clone PB235 sont inférieures à celle du clone GT1. Mais ici nous ne disposons pas d'assez de données pour pouvoir conclure.

#### 3-2 Systèmes ramifiés périphériques

##### 3-2-1- Comparaison des proportions des axes de catégorie 1

- **entre clones** : la différence est significative entre les deux clones ( $p=0.026$ ). GT1 a une proportion d'axe1 sur l'ensemble des arbres supérieure à PB235 (48,6% contre 42,5%)
- **entre arbres** :

clone PB235	arbre 5 0.34	arbre 7 0.38	arbre8 0.48		
clone GT1	arbre 4 0.28	arbre6 0.29	arbre9 0.58	arbre10 0.69	arbre11 0.56

- **entre clone par année** : les arbres 5 et 7 sont significativement différents des arbres 4 et 6 pour l'année 90 . De même pour l'année 86, les arbres des deux clones sont significativement différents.

D'après ces résultats, les arbres plus jeunes développent peu de ramifications importantes sur les axes périphériques. Par contre, pour les arbres plus 'âgés' (86), principalement chez le clone GT1, les axes périphériques (catégorie 0) possèdent en moyenne plus d'une ramification qui a donné naissance à son tour à des rameaux (catégorie 1).

### 3-2-2- Comparaisons multiples des moyennes des arbres adultes

#### -PUCRAM

arbre 8	arbre 11	arbre9	arbre 10
0.47	0.52	0.54	0.54

---

Le caractère PUCRAM ne permet pas de distinguer les deux clones parmi les arbres plantés en 1990.

#### -NBRUCR

arbre 6	arbre10	arbre 4	arbre9	arbre11	arbre 8	arbre 5	arbre 7
3.59	3.34	3.23	3.20	3.12	2.52	2.41	2.07

---

Ce caractère est assez homogène à l'intérieur des clones et s'est révélé supérieur pour le clone GT1 .Ce dernier édifie en moyenne plus de rameaux par UC.

## IV. DISCUSSION

### **1- Analyse descriptive**

L'étude descriptive du tronc et de la couronne des arbres n'a pas permis de mettre en évidence de différences significatives entre les clones pour la dynamique de croissance. Les résultats de la comparaison de la hauteur du tronc avec le nombre d'UC de la couronne, et du rapport entre le volume du tronc et le volume de la couronne ne permettent pas de distinguer les deux clones. Cependant, les trois arbres étudiés pour le clone PB235 montrent une croissance très régulière. Pour ces trois arbres la hauteur du tronc est proportionnelle à l'importance de la couronne et cette relation linéaire se retrouve entre le volume du tronc et le volume de la couronne. Si cette tendance était confirmée, les arbres ayant un développement de la couronne peu important (1500-2000 UC) auraient comparativement au clone GT1 un tronc plus long.

Mais cette analyse ne peut apporter que des indications vu le faible nombre d'arbre dont on dispose. Il était ici d'autant plus difficile de mettre en évidence des différences entre les clones que les arbres présentaient une grande variabilité de taille. Pour étudier la dynamique de croissance une étude à plus grande échelle serait nécessaire, avec des échantillons à différents stades de développement.

Au niveau de l'étude de la dynamique de ramification, dans un premier temps, la description détaillée des ramifications du tronc a permis de distinguer deux types d'organisation parmi les huit arbres étudiés. Soit un seul axe a pris le relais du tronc et l'ensemble de la couronne se répartit autour de celui-ci, soit le tronc se divise en son sommet en deux branches maîtresses. La première configuration est connue pour présenter moins de risques de casse. On trouve ces deux configurations à l'intérieur de chaque clone, cependant pour les deux arbres du clone GT1, dont la couronne se divise au sommet du tronc, les troncs sont relativement court et le développement au dessus du point de mortalité du tronc reste modéré (<1300UC). L'un a développé une réitération en sur le tronc très importante, l'autre est un arbre ayant réalisé une faible croissance. Par contre, pour le clone PB235, la configuration de l'arbre 8 paraît présenter beaucoup plus de risques. Cet arbre possède en effet un tronc très long (9 m) et l'ensemble de la couronne (plus de 4500UC) se situe au dessus du point de mortalité du tronc. Cette étude a permis aussi de quantifier les réitérations du tronc situées en dessous du point de mortalité pour le clone GT1. Celles-ci représentent une part très importante de la couronne : pour les trois arbres possédant plus de 3500UC celles-ci contribuent à plus de la moitié du nombre total d'UC.

Dans un deuxième temps l'étude de la répartition des masses à l'intérieur de la couronne a montré que les deux clones présentaient une stratégie de développement différente :

- le volume pour le clone GT1 est principalement concentré sur les deux premiers ordres de ramifications alors que pour le clone PB235 le volume est réparti de façon plus importante entre les différents ordres. Ce dernier possède des axes à l'ordre 3 et 4 plus développés.
- Sur le graphique représentant le volume en fonction de l'ordre et de la position, on observe que pour le clone GT1, le maximum de volume est apporté successivement par des axes d'ordre croissant au fur et à mesure que l'on s'éloigne du tronc. Mais pour le



clone PB235, on ne retrouve pas cette organisation des axes. Les volumes apportés par les différents ordres de ramification se superposent.

La couronne du clone GT1 paraît plus structurée en fonction de la position. On observe d'abord les axes 2, puis les axes 3 et ainsi de suite.

## 2- Modélisation des caractères architecturaux

Les trois caractères, la probabilité de ramification des UC, le nombre de rameaux par UC et la longueur de ces rameaux ont été étudiés par l'analyse de la variance (et la régression logistique pour le caractère PUCRAM) du fait du grand nombre de facteurs pouvant intervenir chez les arbres adultes. En effet notre échantillon d'étude n'est pas homogène il présente des axes de longueur, d'ordre et de position dans l'arbre très variés. Ces analyses nous ont permis prendre en compte dans la comparaison des clones les différences dues à ces facteurs.

Pour deux de ces caractères on a pu mettre en évidence une différence significative entre les clones :

- la différence entre le nombre de rameaux par UC est très significative ( $p < 0.001$ ). La comparaison entre les moyennes des arbres montre que le clone GT1 édifie un nombre de ramifications supérieur. La moyenne est de 3.4 pour le clone GT1 contre 2.4 pour le PB235.
- La différence entre les longueurs des ramifications est aussi très significative. Pour une même longueur de l'axe porteur, les rameaux du clone GT1 sont plus longs. On note aussi que la différence entre les moyennes des clones, reste relativement constante quelle que soit la longueur de l'axe porteur.

Pour le pourcentage d'UC ramifiées, on n'a pas pu mettre en évidence de différence entre les clones que ce soit avec l'analyse de la variance ou le modèle logistique. Ceci peut s'expliquer par le fait que le pourcentage d'UC ramifié ne correspond pas exactement à la probabilité de ramification. En effet, il englobe aussi deux autres phénomènes : le délai de développement des ramifications et l'élagage au niveau des premières UC de l'axe.

Chez les jeunes arbres, le pourcentage d'UC ramifiées et le nombre de rameaux des UC ont été étudiés de la même manière afin de pouvoir réaliser une comparaison entre la ramification du tronc de ces arbres et celle des axes périphériques des arbres adultes.

- les troncs possédant de 3 à 9 UC (parcelle 37) présentent une différence significative entre les deux clones pour le nombre de rameaux par UC ( $p < 0.001$ ). Pour les clones GT1 et PB235 les moyennes sont respectivement de 3,40 et 2,0. Par contre cette différence n'est plus significative pour les troncs de 9 à 13 UC (parcelle 36). Les moyennes sont respectivement de 4,6 et 4,7.

Ces résultats sont cohérents avec ceux obtenus pour les arbres adultes. La distribution des axes périphériques des arbres adultes montre que la majorité des axes étudiés ont une longueur comprise entre 2 et 5 UC. Les valeurs obtenues pour ces axes sont très proches de la parcelle 37, avec un nombre de rameaux supérieur pour le clone GT1. Il semble donc que ce caractère soit conservé au cours du développement de l'arbre.

- pour le pourcentage d'UC ramifié on n'a pas pu mettre en évidence de différence significative comme pour les arbres adultes.

Tableau récapitulatif des résultats.

Clone GT1	Clone PB235
<ul style="list-style-type: none"> <li>• nombre d 'UC des troncs &lt;</li> <li>• ramifications très développées entre les UC 14 et 18 du tronc</li> <li>• les axes 2 représentent une part très importante du volume de la couronne</li> <li>• succession des ordres</li> </ul> <p><b>systèmes ramifiés périphériques</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• nombre d 'UC maximum: 21</li> <li>• nombre de rameaux par UC &gt; pour une position et longueur d 'axe équivalente</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>• moyenne des longueurs des UC du tronc &lt;</li> <li>• ramifications très développées sur la dernière UC du tronc</li> <li>• part du volume des axes 2 &lt; part du volume des axes 3 et 4 &gt;</li> <li>• superposition des ordres</li> <li>• ordres de ramification plus nombreux</li> </ul> <ul style="list-style-type: none"> <li>• nombre d 'UC maximum: 14</li> <li>• longueur des rameaux &gt; pour une même longueur d 'axe ramification plus rapide</li> </ul>



## V. CONCLUSION

Cette étude à partir de données détaillées de l'architecture de huit arbres nous a permis d'explorer les hypothèses émises sur l'origine de la sensibilité au vent du clone PB235.

L'étude de la dynamique de croissance et de la répartition des masses le long du tronc ne nous a pas permis de mettre en évidence de différences significatives entre les clones. Du fait du faible nombre d'arbres, cela ne permet pas pour autant d'exclure le rôle de l'un ou de l'autre dans le phénomène de casse au vent :

- au niveau de la dynamique de croissance, il n'existe pas, pour les huit arbres décrits, de différence de circonférence du tronc entre les clones pour un même développement de la couronne. Toutefois, on note que pour les arbres possédant une couronne de 1500 à 2000 UC, le clone PB235 semble produire des troncs plus longs ce qui peut laisser supposer l'existence d'un déséquilibre entre le développement en hauteur de ces arbres et la croissance en épaisseur du tronc à un moment donné du développement.
- au niveau de la répartition des masses le long du tronc, un arbre sur les trois du clone PB235, a une configuration qui semble présenter des risques : son tronc est long et l'ensemble de la couronne est insérée au dessus du point de mortalité de celui-ci.

Par contre, l'étude de la répartition du volume à l'intérieur de la couronne tend à montrer que le clone PB235 édifie plus d'ordres de ramification que le clone GT1, ce qui pourrait expliquer son port plus étalé et/ou une densité plus importante de la couronne. Ce nombre d'ordres plus important peut être dû à une ramification plus rapide chez ce clone ce qui semble être confirmé par l'étude des longueurs des ramifications des axes périphériques. Pour des axes d'un même âge (même nombre d'UC), le clone PB235 présentent des ramifications plus longues.

Enfin, les analyses sur les systèmes ramifiés périphériques des arbres montrent que les caractères de ramification semblent bien conservés au cours du développement. Les résultats obtenus sont retrouvés chez les arbres de 2 et 3 ans, ce qui laisse envisager des possibilités de prédire pour un arbre jeune certains aspects de sa physionomie à l'âge adulte. Pour cela, il paraît intéressant d'étudier les possibilités de réaliser une étude à plus grande échelle à la fois sur des arbres adultes et sur des jeunes arbres afin de pouvoir déterminer de bons prédicteurs. Le protocole d'échantillonnage AMAP-mod étant particulièrement lourd et fastidieux et de plus destructif pour les arbres adultes, des études d'échantillonnages à partir de cette présente étude pourrait permettre de déterminer un protocole simplifié.

## RÉFÉRENCES BIBLIOGRAPHIQUES

### • Articles scientifiques

- Barthélémy, D., Edelin, C. and Hallé, F. (1989). Architectural concepts for tropical trees. In: Tropical forests. Botanical dynamics, speciation and diversity. Holm Nielsen L.B. (ed), Nielsen I.C. (ed), Balslev H.(ed), Londres, Academic Press, p.89-100.
- Clément-Demange, A., Rivano, F., Nicolas, D., Gnagne, M., Legnaté, H. (1995a). Stratégies de sélection chez l'hévéa. In: Traitements statistiques des essais de sélection: stratégies d'amélioration des plantes pérennes. Cirad-cp, collection "Colloques" du Cirad, p. 227-242.
- Clément-Demange, A., Chapuset, T., Legnaté, H., Costes, E., Doumbia, A., Obouayeba, S., and Nicolas, D. (1995b). Wind damage: the possibilities of an integrated research for improving the prevention of risks and the resistance of clones in Rubber tree. IRRDB Symposium on Physiological and molecular aspects of the breeding of *Hevea brasiliensis*, 6-7 november 1995, Penang, Malaysia, p. 182-199.
- Clément-Demange, A., Legnaté, H., Seguin, M., Carron, M.P., Le Guen, V., Chapuset, T., and Nicolas, D. (1997). L'hévéa. In: "Amélioration génétique des plantes tropicales". Cirad-Orstom, collection "Repères" du Cirad, p. 357-383.
- Costes, E., Guédon, Y. and Fournier, D. (1999). Analysis and modelling of fruit tree axillary shoot and flowering distribution. Fruits, vol. 54, p. 431-440.
- Godin, C., Costes, E. and Caraglio, Y. (1997). Exploring plant topology structure with the AMAP-mod software : an outline. Silva Fennica, 31, 355-366.
- Godin, C. and Caraglio, Y. (1998). A multiscale model for plant topological structures. Journal of Theoretical Biology, 191 : 1-46.
- Godin, C. (1999). Representing and encoding plant architecture : a review. Ann. For. Sci., 57, 413-438.
- Jacob, J.L., Prévôt, J.C. and Lacrotte, R. (1994). L'encoche sèche chez *Hevea brasiliensis*. In: "Plantations, Recherche, Développement" . ISSN 1254-7670, vol. 1, n°3, p.15-24.
- Jacob, J.L., D'Auzac, J., Prevot, J.C., Serrier, J.B. (1995). Une usine à caoutchouc naturel: l'hévéa. La Recherche, 26 : 538-545.
- Mercykutty, V.C., K Saraswathy Amma, C., Sethuraj, M.R. and Annamma Varghese, Y. (1995). Performance of eight popular clones of rubber (*Hevea brasiliensis*) from certain large estates. Rubber Board Bulletin, vol. 27, n°2, op. 7-15.

- **Livres**

Bouchon, J., de Reffye, P. and Barthélémy, D. (1997). Modélisation et simulation de l'architecture des végétaux. INRA Éditions, Paris, France, 353 p.

Compagnon, P. (1986). Le caoutchouc naturel: biologie, culture, production. Maisonneuve et Larose, Paris, France, 594 p.

Dean, W. (1987). Brazil and the struggle for rubber : a study of environmental history. Cambridge University Press, Cambridge, Royaume-Uni, 234 p.

Dijkman, M.J. (1951). *Hevea*: thirty years of research in the Far East. University of Miami Press, Coral Gables, Etats-Unis, 329 p.

Edelin, C. (1977). Images de l'architecture des conifères. USTL, Montpellier, France, 255 p.

Hallé, F. and Oldeman, R.A.A. (1970). Essai sur l'architecture et la dynamique de croissance des arbres tropicaux. Masson, Paris, France, 178 p.

Hallé, F. and Oldeman, R.A.A. and Tomlinson, P.B. (1978). Tropical trees and forests. An architectural analysis. Springer-Verlag, Berlin, RDA, 441 p.

- **Rapports internes**

Costes, E., and Reffye de, P. (1990). Modélisation de l'architecture de 3 clones d'hévéa. Convention IRCA-GERDAT, Rapport n° 13/90, décembre 1990.

Fourcaud, T., Clément-Demange, A., Costes, E., Baillères, H., and Gnagne, M. (1999). Etude de la casse au vent chez l'hévéa: influence du modèle architectural. Compte-rendu d'activité d'ATP du Cirad n° 60/97.



# ANNEXES





## Relevé des entités par arbre

n° arbre	nbaxes	nbréit.	nbUC
4	2739	85	4784
6	896	32	1572
9	1505	4	2653
10	2098	8	3773
11	845	3	1537
5	1880	76	3716
7	782	25	1578
8	2782	15	4861

## PROGRAMME AMAP-mod

### # Construction du MTG

```
g = MTG("../../win/user/evelyne/hevea/archiaGT1.txt")
filter(_tab) = Foreach _x In _tab : Select(_x, _x!=Undef)
```

### #selection des entites aux différentes échelles

```
arbres = VtxList(Scale->1)
tronc(_p) = Foreach _x In Components(_p, Scale->2) : Select(_x, Class(_x)=='T')
axes = Foreach _x In VtxList(Scale->2) : Select(_x, Class(_x) == 'A')
axes(_p) = Foreach _x In Components(_p, Scale->2) : Select(_x, Class(_x)=='A')
reit = Foreach _x In VtxList(Scale->2) : Select(_x, Class(_x) == 'R')
reit(_p) = Foreach _x In Components(_p, Scale->2) : Select(_x, Class(_x)=='R')
axe_and_reit(_p) = Components(_p, Scale->2)
uc = VtxList(Scale->3)
uc(_p) = Components(_p, Scale->3)
```

### # dénombrement des entités

```
#nbucp = Foreach _p In arbres : Size(uc(_p))
# <ARRAY(INT)> : [4784,1572,2653,3773,1537]
#nbaxes = Foreach _p In arbres : Size(axes(_p))
#<ARRAY(INT)> : [2739,896,1505,2098,845]
#nbreit = Foreach _p In arbres : Size(reit(_p))
#<ARRAY(INT)> : [85,32,4,8,3]
```

### #attribut longueur et circonférence base

```
long(_x) = Feature(_x, "Long")
cbase(_x) = Feature(_x, "Cbase")
csom(_x) = Feature(_x, "Csom")
```

### ▪ LONGUEURS (comparaison des axes et des réitérations)

#### #selection des uc ayant une longueur renseignée

```
uc_long(_p) = Foreach _x In uc(_p) : Select(_x, long(_x) != Undef)
```

```
#nb d'UC par arbre ayant une long renseignee
```

```
# <ARRAY(INT)> : [14,12,18,10,11]
uclong = Foreach _p In arbres : Foreach _x In uc_long(_p) : \
[Index(_p), ToInt(long(_x))]
```

#### #selection des axes ayant une longueur renseignée

```
axes_long(_p) = Foreach _x In axes(_p) : Select(_x, long(_x) != Undef)
extremities_long(_p) = Foreach _x In axes_long(_p) : \
Select(_x, Pos(Extremities(_x), _x) != Undef)
```

```
# nbaxeslong = Foreach _p In arbres : Size(axes_long(_p))
```

```
# <ARRAY(INT)> : [39,3,1,7,5]
```

```
axeslong = Foreach _p In arbres : Foreach _x In axes_long(_p) :
ToInt(long(_x))
```

#### #selection des reiterations ayant une longueur renseignée

```
reit_long(_p) = Foreach _x In reit(_p) : Select(_x, long(_x) != Undef)
```

```
# nbreitlong = Foreach _p In arbres : Size(reit_long(_p))
```

```
# <ARRAY(INT)> : [43,8,4,6,2]
```

```
reitlong = Foreach _p In arbres : Foreach _x In reit_long(_p) :
ToInt(long(_x))
```

```
h3 = Histogram(Flatten(reitlong))
```

Save(h3, "long\_axes\_GT1", Format->"ASCII", Detail->2)  
 Résultat de la **comparaison** des histogrammes de **longueur des axes et reit** (NS)

### #Tableau des données GT1UC

```
tabuc =Foreach _p In arbres : Foreach _x In uc(_p) : [Index(_p),
Index(_x), Order(_x), \
Size(Ancestors(_x)), \
ToInt(cbase_gener(_x)), ToInt(long(_x))]
uc_filter = Foreach _i In [1:5] : Foreach _x In tabuc@_i : Select(_x, _x@5
!= Undef Or _x@6 != Undef )

Save(uc_filter, "gtluc.txt", Format->ASCII)
```

### #Tableau des données GT1AXE

```
code_axe(_x) = If Class(_x) == 'A' Then 1 Else \
                If Class(_x) == 'R' Then 2 Else Undef

tabaxe =Foreach _p In arbres : Foreach _x In axe_and_reit(_p) : \
[Index(_p), Index(_x), Order(_x), code_axe(_x), \
Size(Ancestors(Components(_x)@1)), Size(Descendants(Components(_x)@1)), \
ToInt(cbase_gener_axe(_x)), ToInt(long(_x))]

axe_filter = Foreach _i In [1:5] : Foreach _x In tabaxe@_i : \
Select(_x, _x@7 != Undef Or _x@8 != Undef )

Save(axe_filter, "gtlaxe.txt", Format->ASCII)
```

### #Tableau des données GT1AXEcirc

```
tabAxecirc =Foreach _p In arbres : Foreach _x In axe_and_reit(_p) : \
[Index(_p), Index(_x), Order(_x), code_axe(_x), \
Size(Ancestors(Components(_x)@1)), \
Size(Descendants(Components(_x)@1)), \
ToInt(cbase_gener(_x)), ToInt(csom(_x))]

axe_filter = Foreach _i In [1:5] : Foreach _x In tabAxecirc@_i : \
Select(_x, _x@7 != Undef Or _x@8 != Undef)

Save(axe_filter, "gtlAxecirc.txt", Format->ASCII)
```

### #Tableau des données GT1UC\_tronc

```
ramif(_x) = Foreach _y In Sons(_x, EdgeType->'+' ) : Complex(_y)
ramif_A(_x) = Foreach _y In ramif(_x) : Select(_y, Class(_y) == 'A')
ramif_R(_x) = Foreach _y In ramif(_x) : Select(_y, Class(_y) == 'R')

ramif_nonT(_x) = Foreach _y In ramif(_x) : Select(_y, Class(_y) != 'T')

descendants_axil(_x) = Sum(Foreach _y In ramif_nonT(_x) :
Size(Descendants(Components(_y)@1)))
```

```

tabuc_tronc = Foreach _p In arbres : Foreach _x In tronc(_p) : Foreach _y
In uc(_x) : \
    [Index(_p), Index(_x), Index(_y), \
    Size(ramif_nonT(_y)), Size(ramif_A(_y)), Size(ramif_R(_y)),
    descendants_axil(_y)]
Save(tabuc_tronc, "gtluc_tronc.txt", Format->ASCII)

```

## # Tableau des Axes pour l'estimation du volume

```

tabaxeV =Foreach _p In arbres : Foreach _x In axe_and_reit(_p) : \
    [Index(_p), Order(_x), code_axe(_x), \
    Size(Ancestors(Components(_x)@1)),
    Size(Descendants(Components(_x)@1)), \
    ToInt(cbase_gener_axe(_x)), ToInt(csom_gener_axe(_x)),
    Size(Components(_x))]

axe_filter = Foreach _i In [1:5] : Foreach _x In tabaxe@_i : \
    Select(_x, _x@7 != Undef Or _x@8 != Undef )

Save(tabaxeV, "pbaxeV.txt", Format->ASCII)

```

## #Selection des systemes ramifies a la peripherie

```

ucmorte(_x) = Sons(_x, EdgeType->'<') == [] And Sons(_x, EdgeType->'+' )
!= []

axes_periph(_p) =Foreach _x In axes(_p) : \
    Select(_x,ucmorte(Components(_x)@-1) == False And \
    Sons(_x, EdgeType->'+' ) != [])
ordre_rel(_tab, _x) = If Pos(_tab, Father(_x, EdgeType->'+' )) == Undef
Then 0 Else 1

```

## #Longeur des axes périphériques et nombre de ramifications

```

t3 = Foreach _p In arbres : Foreach _x In axes_periph(_p) : \
    [Index(_p), Index(_x), Order(_x), code_axe(_x), \
    Size(Ancestors(Components(_x)@1)), Size(Components(_x)),
    Size(Sons(_x, EdgeType->'+' )), \
    ToInt(cbase(_x)), ToInt(long(_x))]

Save(t3, "gtaxes_periph.txt", Format->ASCII)

```

## #Ordre relatif dans les syst périph et nbre de ramif par UC

```

t4 = Foreach _p In arbres : Foreach _x In axes_periph(_p) : Foreach _y
In Components(_x) : \
    [Index(_p), Index(_x), Order(_x), code_axe(_x),
    ordre_rel(axes_periph(_p), _x), \
    Index(_y), Size(Sons(_y, EdgeType->'+' ))]

Save(t4, "pbramif_axesperiph.txt", Format->ASCII)

```

## SYSTEMES RAMIFIES PERIPHERIQUES

### Anova à deux facteurs

-facteurs clone-catégorie: clone: 1 GT1 2 PB235

Dependent Variable: PUCRAM

Source	DF	Sum of Squares	Mean Square	F Value	Pr > F
Model	2	0.23517768	0.11758884	5.26	0.0053
Error	1457	32.60096781	0.02237541		
Corrected Total	1459	32.83614549			

R-Square	C.V.	Root MSE	PUCRAM Mean
0.007162	31.90606	0.14958411	0.46882666

Source	DF	Type I SS	Mean Square	F Value	Pr > F
CLONE	1	0.11379205	0.11379205	5.09	0.0243
CAT	1	0.12138562	0.12138562	5.42	0.0200

Source	DF	Type III SS	Mean Square	F Value	Pr > F
CLONE	1	0.12782588	0.12782588	5.71	0.0170
CAT	1	0.12138562	0.12138562	5.42	0.0200

moyennes ajustées:	CLONE	PUCRAM LSMEAN
	1	0.47788688
	2	0.45911140

Dependent Variable: NBRUCR

Source	DF	Sum of Squares	Mean Square	F Value	Pr > F
Model	2	265.26746539	132.63373269	49.58	0.0001
Error	1457	3898.04390555	2.67539046		
Corrected Total	1459	4163.31137094			

R-Square	C.V.	Root MSE	NBRUCR Mean
0.063715	61.34070	1.63566209	2.66651987

Source	DF	Type I SS	Mean Square	F Value	Pr > F
CLONE	1	219.53450339	219.53450339	82.06	0.0001
CAT	1	45.73296200	45.73296200	17.09	0.0001

Source	DF	Type III SS	Mean Square	F Value	Pr > F
CLONE	1	230.85679385	230.85679385	86.29	0.0001
CAT	1	45.73296200	45.73296200	17.09	0.0001

moyennes ajustées:	CLONE	NBRUCR LSMEAN
	1	3.07099270
	2	2.27308427

-facteurs clone-année:

Dependent Variable: PUCRAM

Source	DF	Sum of Squares	Mean Square	F Value	Pr > F
Model	3	1.10730986	0.36910329	16.94	0.0001
Error	1456	31.72883563	0.02179178		
Corrected Total	1459	32.83614549			

R-Square	C.V.	Root MSE	PUCRAM Mean
0.033722	31.48720	0.14762040	0.46882666

Source	DF	Type I SS	Mean Square	F Value	Pr > F
CLONE	1	0.11379205	0.11379205	5.22	0.0224
ANNEE	1	0.75959448	0.75959448	34.86	0.0001
CLONE*ANNEE	1	0.23392332	0.23392332	10.73	0.0011

Source	DF	Type III SS	Mean Square	F Value	Pr > F
CLONE	1	0.05400012	0.05400012	2.48	0.1157
ANNEE	1	0.80985747	0.80985747	37.16	0.0001
CLONE*ANNEE	1	0.23392332	0.23392332	10.73	0.0011

moyennes ajustées	CLONE	PUCRAM LSMEAN
	1	0.47121989
	2	0.45885918



Dependent Variable: NBRUCR

Source	DF	Sum of Squares	Mean Square	F Value	Pr > F
Model	3	234.32675117	78.10891706	28.95	0.0001
Error	1456	3928.98461977	2.69847845		
Corrected Total	1459	4163.31137094			
	R-Square	C.V.	Root MSE	NBRUCR Mean	
	0.056284	61.60481	1.64270461	2.66651987	

Source	DF	Type I SS	Mean Square	F Value	Pr > F
CLONE	1	219.53450339	219.53450339	81.35	0.0001
ANNEE	1	0.17780176	0.17780176	0.07	0.7975
CLONE*ANNEE	1	14.61444602	14.61444602	5.42	0.0201

Source	DF	Type III SS	Mean Square	F Value	Pr > F
CLONE	1	232.14189858	232.14189858	86.03	0.0001
ANNEE	1	0.03358594	0.03358594	0.01	0.9112
CLONE*ANNEE	1	14.61444602	14.61444602		

moyennes ajustées	CLONE	NBRUCR LSMEAN
	1	3.09439121
	2	2.28394761

## Modèles

### variable PUCRAM - année 1990

1-Dependent Variable: PUCRAM

Source	DF	Sum of Squares	Mean Square	F Value	Pr > F
Model	39	2.39024824	0.06128842	2.73	0.0001
Error	372	8.33801722	0.02241402		
Corrected Total	411	10.72826546			

R-Square	C.V.	Root MSE	PUCRAM Mean
0.222799	32.79102	0.14971314	0.45656748

Source	DF	Type I SS	Mean Square	F Value	Pr > F
CLONE	1	0.01367775	0.01367775	0.61	0.4352
ORDRE	6	0.12249775	0.02041629	0.91	0.4870
CODPOS	4	0.66423747	0.16605937	7.41	0.0001
CODNB_UC	6	0.80192435	0.13365406	5.96	0.0001
CODPOS*CODNB_UC	22	0.78791092	0.03581413	1.60	0.0439

Source	DF	Type III SS	Mean Square	F Value	Pr > F
CLONE	1	0.01052936	0.01052936	0.47	0.4935
ORDRE	6	0.04720755	0.00786793	0.35	0.9092
CODPOS	4	0.19494896	0.04873724	2.17	0.0713
CODNB_UC	6	0.26234810	0.04372468	1.95	0.0719
CODPOS*CODNB_UC	22	0.78791092	0.03581413	1.60	0.0439

2- Dependent Variable: PUCRAM

Source	DF	Sum of Squares	Mean Square	F Value	Pr > F
Model	33	2.34304069	0.07100123	3.20	0.0001
Error	378	8.38522477	0.02218313		
Corrected Total	411	10.72826546			

R-Square	C.V.	Root MSE	PUCRAM Mean
0.218399	32.62169	0.14894004	0.45656748

Source	DF	Type I SS	Mean Square	F Value	Pr > F
CLONE	1	0.01367775	0.01367775	0.62	0.4328
CODPOS	4	0.49504754	0.12376189	5.58	0.0002
CODNB_UC	6	1.03014427	0.17169071	7.74	0.0001
CODPOS*CODNB_UC	22	0.80417112	0.03655323	1.65	0.0342

Source	DF	Type III SS	Mean Square	F Value	Pr > F
CLONE	1	0.01295294	0.01295294	0.58	0.4453
CODPOS	4	0.19529771	0.04882443	2.20	0.0683
CODNB_UC	6	0.29358302	0.04893050	2.21	0.0418
CODPOS*CODNB_UC	22	0.80417112	0.03655323	1.65	0.0342

moyennes

	CLONE	-----PUCRAM-----		
		N	Mean	SD
1	201	0.45066409	0.16487690	
2	211	0.46219110	0.15853059	

3- Modèle avec un facteur arbre hiérarchisé à clone  
Dependent Variable: PUCRAM

Source	DF	Sum of Squares	Mean Square	F Value	Pr > F
Model	35	2.36820713	0.06766306	3.04	0.0001
Error	376	8.36005833	0.02223420		
Corrected Total	411	10.72826546			
	R-Square	C.V.	Root MSE	PUCRAM Mean	
	0.220745	32.65922	0.14911136	0.45656748	

Source	DF	Type I SS	Mean Square	F Value	Pr > F
CLONE	1	0.01367775	0.01367775	0.62	0.4333
ARBRE(CLONE)	2	0.01561829	0.00780914	0.35	0.7041
CODPOS	4	0.48293577	0.12073394	5.43	0.0003
CODNB_UC	6	1.04259431	0.17376572	7.82	0.0001
CODPOS*CODNB_UC	22	0.81338101	0.03697186	1.66	0.0317

Source	DF	Type III SS	Mean Square	F Value	Pr > F
CLONE	1	0.01101466	0.01101466	0.50	0.4820
ARBRE(CLONE)	2	0.02516644	0.01258322	0.57	0.5683
CODPOS	4	0.18951538	0.04737884	2.13	0.0764
CODNB_UC	6	0.30098155	0.05016359	2.26	0.0375
CODPOS*CODNB_UC	22	0.81338101	0.03697186	1.66	0.0317

### variable PUCRAM - année 1986

1- Dependent Variable: PUCRAM

Source	DF	Sum of Squares	Mean Square	F Value	Pr > F
Model	43	2.31003125	0.05372166	3.03	0.0001
Error	341	6.04461777	0.01772615		
Corrected Total	384	8.35464902			

R-Square	C.V.	Root MSE	PUCRAM Mean
0.276497	26.72757	0.13313960	0.49813582

Source	DF	Type I SS	Mean Square	F Value	Pr > F
CLONE	1	0.31521593	0.31521593	17.78	0.0001
ORDRE	8	0.23634289	0.02954286	1.67	0.1054
CODPOS	7	0.23918873	0.03416982	1.93	0.0645
CODNB_UC	6	0.63561649	0.10593608	5.98	0.0001
CODPOS*CODNB_UC	21	0.88366721	0.04207939	2.37	0.0007

Source	DF	Type III SS	Mean Square	F Value	Pr > F
CLONE	1	0.05493214	0.05493214	3.10	0.0792
ORDRE	8	0.22494975	0.02811872	1.59	0.1276
CODPOS	7	0.34648379	0.04949768	2.79	0.0077
CODNB_UC	6	0.12720261	0.02120043	1.20	0.3078
CODPOS*CODNB_UC	21	0.88366721	0.04207939	2.37	0.0007

## 2- Modèle sans le facteur ordre

Source	DF	Sum of Squares	Mean Square	F Value	Pr > F
Model	35	2.08508150	0.05957376	3.32	0.0001
Error	349	6.26956752	0.01796438		
Corrected Total	384	8.35464902			

R-Square	C.V.	Root MSE	PUCRAM Mean
0.249571	26.90657	0.13403125	0.49813582

Source	DF	Type I SS	Mean Square	F Value	Pr > F
CLONE	1	0.31521593	0.31521593	17.55	0.0001
CODPOS	7	0.24450165	0.03492881	1.94	0.0619
CODNB_UC	6	0.64847670	0.10807945	6.02	0.0001
CODPOS*CODNB_UC	21	0.87688721	0.04175653	2.32	0.0010

Source	DF	Type III SS	Mean Square	F Value	Pr > F
CLONE	1	0.14566090	0.14566090	8.11	0.0047
CODPOS	7	0.37294481	0.05327783	2.97	0.0049
CODNB_UC	6	0.11793159	0.01965527	1.09	0.3654
CODPOS*CODNB_UC	21	0.87688721	0.04175653		

moyennes

		-----PUCRAM-----	
CLONE	N	Mean	SD
1	154	0.53318028	0.15339211
2	231	0.47477285	0.13893187

3- Modèle avec un facteur arbre hiérarchisé à clone  
Dependent Variable: PUCRAM

Source	DF	Sum of Squares	Mean Square	F Value	Pr > F
Model	37	2.11877817	0.05726427	3.19	0.0001
Error	347	6.23587085	0.01797081		
Corrected Total	384	8.35464902			
	R-Square	C.V.	Root MSE	PUCRAM Mean	
	0.253605	26.91138	0.13405525	0.49813582	

Source	DF	Type I SS	Mean Square	F Value	Pr > F
CLONE	1	0.31521593	0.31521593	17.54	0.0001
ARBRE(CLONE)	2	0.01396778	0.00698389	0.39	0.6783
CODPOS	7	0.26288679	0.03755526	2.09	0.0440
CODNB_UC	6	0.62426852	0.10404475	5.79	0.0001
CODPOS*CODNB_UC	21	0.90243916	0.04297329	2.39	0.0007
Source	DF	Type III SS	Mean Square	F Value	Pr > F
CLONE	1	0.16776216	0.16776216	9.34	0.0024
ARBRE(CLONE)	2	0.03369667	0.01684834	0.94	0.3926
CODPOS	7	0.37144840	0.05306406	2.95	0.0051
CODNB_UC	6	0.12915816	0.02152636	1.20	0.3068
CODPOS*CODNB_UC	21	0.90243916	0.04297329		

**variable NBRUCR**

Dependent Variable: NBRUCR

Source	DF	Sum of Squares	Mean Square	F Value	Pr > F
Model	60	618.25666746	10.30427779	4.24	0.0001
Error	736	1787.07302350	2.42808835		
Corrected Total	796	2405.32969096			
	R-Square	C.V.	Root MSE	NBRUCR Mean	
	0.257036	55.52143	1.55823244	2.80654235	

Source	DF	Type I SS	Mean Square	F Value	Pr > F
CLONE	1	158.68530773	158.68530773	65.35	0.0001
ORDRE	9	30.13533813	3.34837090	1.38	0.1935
CODPOS	7	78.52402880	11.21771840	4.62	0.0001
CODNB_UC	6	210.26053660	35.04342277	14.43	0.0001
CODPOS*CODNB_UC	37	140.65145620	3.80139071	1.57	0.0186

Source	DF	Type III SS	Mean Square	F Value	Pr > F
CLONE	1	111.48985436	111.48985436	45.92	0.0001
ORDRE	9	17.81233250	1.97914806	0.82	0.6024
CODPOS	7	81.03110123	11.57587160	4.77	0.0001
CODNB_UC	6	86.53444380	14.42240730	5.94	0.0001
CODPOS*CODNB_UC	37	140.65145620	3.80139071	1.57	0.0186

## 2- Modèle sans le facteur ordre.

Source	DF	Sum of Squares	Mean Square	F Value	Pr > F
Model	51	600.44433496	11.77341833	4.86	0.0001
Error	745	1804.88535600	2.42266491		
Corrected Total	796	2405.32969096			
R-Square		C.V.	Root MSE	NBRUCR Mean	
0.249631		55.45939	1.55649122	2.80654235	

Source	DF	Type I SS	Mean Square	F Value	Pr > F
CLONE	1	158.68530773	158.68530773	65.50	0.0001
CODPOS	7	60.63777141	8.66253877	3.58	0.0009
CODNB_UC	6	232.70973757	38.78495626	16.01	0.0001
CODPOS*CODNB_UC	37	148.41151825	4.01112211	1.66	0.0092

Source	DF	Type III SS	Mean Square	F Value	Pr > F
CLONE	1	123.13995795	123.13995795	50.83	0.0001
CODPOS	7	84.40618259	12.05802608	4.98	0.0001
CODNB_UC	6	94.64723472	15.77453912	6.51	0.0001
CODPOS*CODNB_UC	37	148.41151825	4.01112211		

moyennes

		-----NBRUCR-----	
CLONE	N	Mean	SD
1	355	3.30443550	2.05905936
2	442	2.40665078	1.30042865

## 3- Modèle avec un facteur arbre hiérarchisé à clone.

Dependent Variable: NBRUCR

Source	DF	Sum of Squares	Mean Square	F Value	Pr > F
Model	57	662.98182119	11.63126002	4.93	0.0001
Error	739	1742.34786977	2.35771024		
Corrected Total	796	2405.32969096			



R-Square	C.V.	Root MSE	NBRUCR Mean
0.275630	54.71087	1.53548372	2.80654235

Source	DF	Type I SS	Mean Square	F Value	Pr > F
CLONE	1	158.68530773	158.68530773	67.30	0.0001
ARBRE(CLONE)	6	17.70013506	2.95002251	1.25	0.2779
CODPOS	7	68.47012316	9.78144617	4.15	0.0002
CODNB_UC	6	291.22780318	48.53796720	20.59	0.0001
CODPOS*CODNB_UC	37	126.89845205	3.42968789	1.45	0.0414

Source	DF	Type III SS	Mean Square	F Value	Pr > F
CLONE	1	63.57506638	63.57506638	26.96	0.0001
ARBRE(CLONE)	6	62.53748623	10.42291437	4.42	0.0002
CODPOS	7	126.10863581	18.01551940	7.64	0.0001
CODNB_UC	6	125.51059690	20.91843282	8.87	0.0001
CODPOS*CODNB_UC	37	126.89845205	3.42968789	1.45	0.0414

## JEUNES ARBRES - 2 et 3 ans -

parcelle 36 : arbres de 3 ans

parcelle 37 : arbres de 2 ans

### Anovas à 2 facteurs : clone et parcelle

Dependent Variable: PUCRAM

Source	DF	Sum of Squares	Mean Square	F Value	Pr > F
Model	3	1.17496432	0.39165477	14.04	0.0001
Error	104	2.90053554	0.02788976		
Corrected Total	107	4.07549986			
R-Square		C.V.	Root MSE	PUCRAM Mean	
0.288299		41.68187	0.16700229	0.40065933	

Source	DF	Type I SS	Mean Square	F Value	Pr > F
PARC	1	0.77739926	0.77739926	27.87	0.0001
CLONE	1	0.11104818	0.11104818	3.98	0.0486
PARC*CLONE	1	0.28651688	0.28651688	10.27	0.0018

Source	DF	Type III SS	Mean Square	F Value	Pr > F
PARC	1	0.80956659	0.80956659	29.03	0.0001
CLONE	1	0.02592612	0.02592612	0.93	0.3372
PARC*CLONE	1	0.28651688	0.28651688	10.27	0.0018

-moyennes ajustées

Least Squares Means

CLONE	PUCRAM LSMEAN	PARC	PUCRAM LSMEAN
1	0.43922993	36	0.51382136
2	0.40671415	37	0.33212271

Dependent Variable: NBRUCR

Source	DF	Sum of Squares	Mean Square	F Value	Pr > F
Model	3	123.59369022	41.19789674	16.22	0.0001
Error	103	261.65692785	2.54035852		
Corrected Total	106	385.25061807			
R-Square		C.V.	Root MSE	NBRUCR Mean	
0.320814		46.52379	1.59385022	3.42588230	

Source	DF	Type I SS	Mean Square	F Value	Pr > F
PARC	1	89.75838493	89.75838493	35.33	0.0001
CLONE	1	21.33601569	21.33601569	8.40	0.0046
PARC*CLONE	1	12.49928960	12.49928960	4.92	0.0287

Source	DF	Type III SS	Mean Square	F Value	Pr > F
PARC	1	94.58482849	94.58482849	37.23	0.0001
CLONE	1	10.92521230	10.92521230	4.30	0.0406
PARC*CLONE	1	12.49928960	12.49928960	4.92	0.0287

-moyennes ajustées

Least Squares Means

CLONE	NBRUCR LSMEAN	PARC	NBRUCR LSMEAN
1	4.02904943	36	4.68375703
2	3.35491319	37	2.70020559

## Modèles

-arbres 2 ans

Class Levels Values

CLONE 2 1 2

CODNB\_UC 4 1 2 3 4

avec 1: 3 à 5 UC  
2: 6-7 UC  
3: 8-9 UC  
4: 10-11 UC

Number of observations in data set = 64

Dependent Variable: PUCRAM

1- ANOVA à 2 facteurs : clone et nombre d'UC des troncs (codnb\_uc)

Source	DF	Sum of Squares	Mean Square	F Value	Pr > F
Model	4	0.12485459	0.03121365	1.31	0.2750
Error	59	1.40056788	0.02373844		
Corrected Total	63	1.52542247			

R-Square	C.V.	Root MSE	PUCRAM Mean
0.081849	41.65816	0.15407284	0.36985029

Source	DF	Type I SS	Mean Square	F Value	Pr > F
CLONE	1	0.09926982	0.09926982	4.18	0.0453
CODNB_UC	3	0.02558477	0.00852826	0.36	0.7826
Source	DF	Type III SS	Mean Square	F Value	Pr > F
CLONE	1	0.08068064	0.08068064	3.40	0.0703
CODNB_UC	3	0.02558477	0.00852826	0.36	0.7826

-moyennes ajustées	CLONE	PUCRAM LSMEAN
	1	0.41181923
	2	0.33380816

## 2- ANOVA à 1 facteur: clone

Source	DF	Sum of Squares	Mean Square	F Value	Pr > F
Model	1	0.09926982	0.09926982	4.32	0.0419
Error	62	1.42615265	0.02300246		
Corrected Total	63	1.52542247			
	R-Square	C.V.	Root MSE	PUCRAM Mean	
	0.065077	41.00730	0.15166563	0.36985029	

Source	DF	Type I SS	Mean Square	F Value	Pr > F
CLONE	1	0.09926982	0.09926982	4.32	0.0419
Source	DF	Type III SS	Mean Square	F Value	Pr > F
CLONE	1	0.09926982	0.09926982	4.32	0.0419

-moyennes par clone	Level of CLONE	-----PUCRAM----- N Mean SD		
	1	38	0.40242747	0.14120232
	2	26	0.32223749	0.16594494

## Dependent Variable: NBRUCR

### 1- ANOVA à 2 facteurs : clone et nombre d'UC des troncs (codnb\_uc)

Dependent Variable: NBRUCR

Source	DF	Sum of Squares	Mean Square	F Value	Pr > F
Model	4	18.10639879	4.52659970	2.36	0.0638
Error	59	113.29665677	1.92028232		
Corrected Total	63	131.40305556			
	R-Square	C.V.	Root MSE	NBRUCR Mean	
	0.137793	45.90451	1.38574252	3.01875000	
Source	DF	Type I SS	Mean Square	F Value	Pr > F
CLONE	1	13.44000114	13.44000114	7.00	0.0104
CODNB_UC	3	4.66639765	1.55546588	0.81	0.4934

Source	DF	Type III SS	Mean Square	F Value	Pr > F
CLONE	1	13.36221636	13.36221636	6.96	0.0107
CODNB_UC	3	4.66639765	1.55546588	0.81	0.4934

-moyennes ajustées	CLONE	NBRUCR LSMEAN
	1	3.25004149
	2	2.24609437

#### 1- ANOVA à 1 facteur : clone

Source	DF	Sum of Squares	Mean Square	F Value	Pr > F
Model	1	13.44000114	13.44000114	7.06	0.0100
Error	62	117.96305442	1.90262991		
Corrected Total	63	131.40305556			

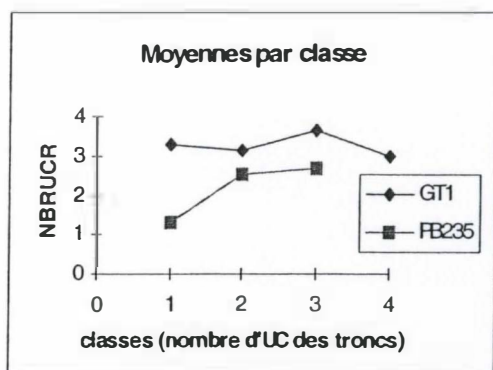
R-Square	C.V.	Root MSE	NBRUCR Mean
0.102281	45.69304	1.37935851	3.01875000

Source	DF	Type I SS	Mean Square	F Value	Pr > F
CLONE	1	13.44000114	13.44000114	7.06	0.0100
Source	DF	Type III SS	Mean Square	F Value	Pr > F
CLONE	1	13.44000114	13.44000114	7.06	0.0100

-moyennes par clone	CLONE	N	Mean	SD
	1	38	3.39780702	1.49513310
	2	26	2.46474359	1.18747470

#### -moyennes par nombre d'UC à l'intérieur des clones

CLONE	CODNB_UC	N	Mean	SD
1	1	5	3.31666667	2.87252309
1	2	6	3.16666667	1.09036182
1	3	20	3.63083333	1.41427843
1	4	7	2.98809524	0.72371945
2	1	3	1.33333333	0.57735027
2	2	11	2.54545454	1.16450015
2	3	12	2.67361111	1.22806940



-arbres 3 ans

Class Levels Values

CLONE 2 1 2

Number of observations in data set = 35

Dependent Variable: PUCRAM

1- Analyse de la covariance - covariable= nb\_uc (nombre d'UC des troncs)

Source	DF	Sum of Squares	Mean Square	F Value	Pr > F
Model	2	0.01887509	0.00943754	0.53	0.5964
Error	32	0.57493955	0.01796686		
Corrected Total	34	0.59381463			
R-Square		C.V.	Root MSE	PUCRAM Mean	
0.031786		24.60432	0.13404052	0.54478446	

Source	DF	Type I SS	Mean Square	F Value	Pr > F
CLONE	1	0.01394037	0.01394037	0.78	0.3850
NB_UC	1	0.00493472	0.00493472	0.27	0.6038

Source	DF	Type III SS	Mean Square	F Value	Pr > F
CLONE	1	0.01715607	0.01715607	0.95	0.3358
NB_UC	1	0.00493472	0.00493472	0.27	0.6038

-moyennes ajustées

CLONE	PUCRAM LSMEAN
1	0.52000473
2	0.56565161

2- Anova à 1 facteur : clone

Source	DF	Sum of Squares	Mean Square	F Value	Pr > F
--------	----	----------------	-------------	---------	--------



Model	1	0.01394037	0.01394037	0.79	0.3795
Error	33	0.57987426	0.01757195		
Corrected Total	34	0.59381463			
	R-Square	C.V.	Root MSE	PUCRAM Mean	
	0.023476	24.33242	0.13255922	0.54478446	

Source	DF	Type I SS	Mean Square	F Value	Pr > F
CLONE	1	0.01394037	0.01394037	0.79	0.3795
Source	DF	Type III SS	Mean Square	F Value	Pr > F
CLONE	1	0.01394037	0.01394037	0.79	0.3795

-moyennes par clone		-----PUCRAM-----		
	CLONE	N	Mean	SD
	1	16	0.52303643	0.17640193
	2	19	0.56309860	0.07927086

Dependent Variable: NBRUCR

1- Analyse de la covariance - covariable= nb\_uc (nombre d'UC des troncs)

Source	DF	Sum of Squares	Mean Square	F Value	Pr > F
Model	2	7.81839903	3.90919951	1.35	0.2726
Error	32	92.37818941	2.88681842		
Corrected Total	34	100.19658844			
	R-Square	C.V.	Root MSE	NBRUCR Mean	
	0.078031	36.62466	1.69906398	4.63912587	

Source	DF	Type I SS	Mean Square	F Value	Pr > F
CLONE	1	1.03691162	1.03691162	0.36	0.5532
NB_UC	1	6.78148741	6.78148741	2.35	0.1352
Source	DF	Type III SS	Mean Square	F Value	Pr > F
CLONE	1	2.51380485	2.51380485	0.87	0.3577
NB_UC	1	6.78148741	6.78148741	2.35	0.1352

-moyennes ajustées	CLONE	NBRUCR LSMEAN
	1	4.33917268
	2	4.89171804

## 2- Anova à 1 facteur : clone

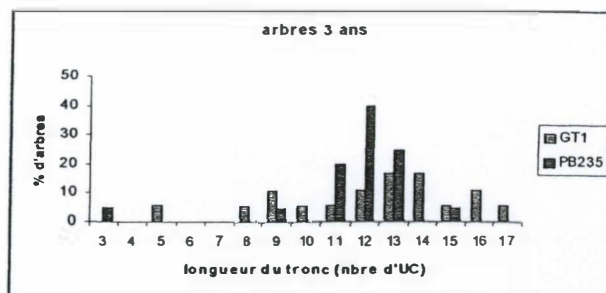
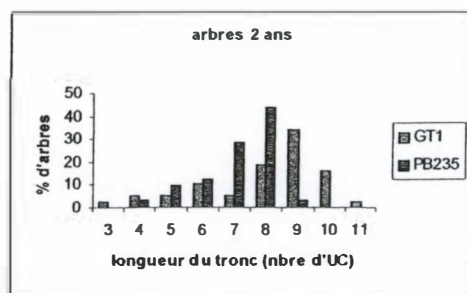
Source	DF	Sum of Squares	Mean Square	F Value	Pr > F
Model	1	1.03691162	1.03691162	0.35	0.5609
Error	33	99.15967682	3.00483869		
Corrected Total	34	100.19658844			
	R-Square	C.V.	Root MSE	NBRUCR Mean	
	0.010349	37.36581	1.73344705	4.63912587	

Source	DF	Type I SS	Mean Square	F Value	Pr > F
CLONE	1	1.03691162	1.03691162	0.35	0.5609

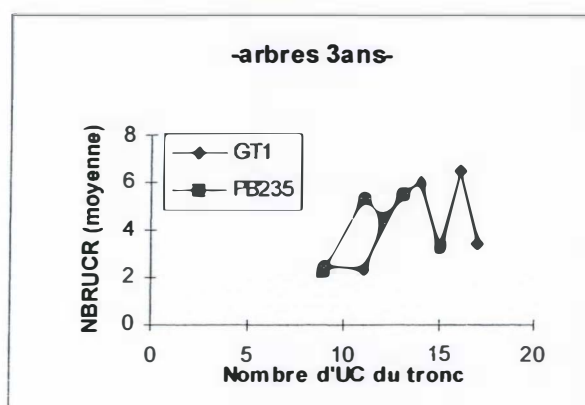
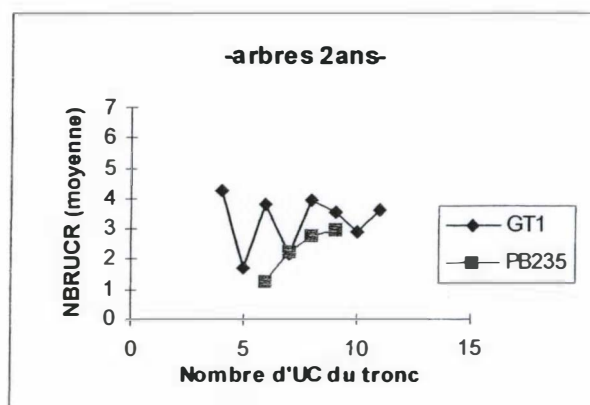
Source	DF	Type III SS	Mean Square	F Value	Pr > F
CLONE	1	1.03691162	1.03691162	0.35	0.5609

-moyennes par clone	CLONE	N	Mean	SD
	1	16	4.45156007	2.23434639
	2	19	4.79707602	1.16130003

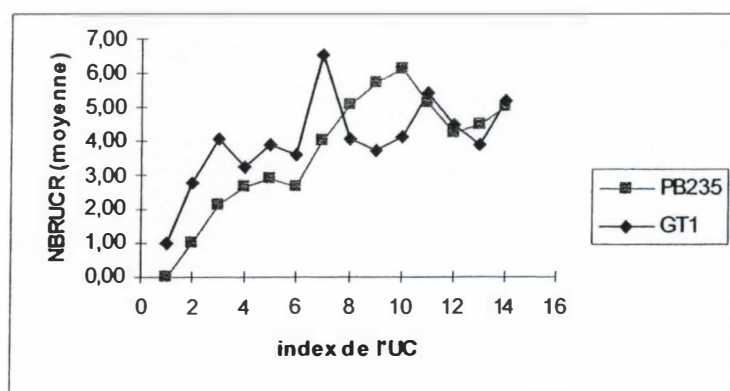
Distribution des arbres en fonction du nombre d'UC de leur tronc.



Nombre moyen de rameaux par UC en fonction de la longueur du tronc (en nombre d'UC).



Moyenne du nombre de rameaux par UC en fonction du rang de l'UC sur le tronc.



## Moyennes des caractères étudiés par arbres

ARBRE	CLONE	N	-----PUCRAM-----	
			Mean	SD
10	1	54	0.53891042	0.16921856
11	1	38	0.51654551	0.13221553
4	1	151	0.45424347	0.16535156
6	1	50	0.43985434	0.16462269
9	1	62	0.53838500	0.15265651
5	2	134	0.45757004	0.16157399
7	2	77	0.47023294	0.15380052
8	2	231	0.47477285	0.13893187

ARBRE	CLONE	N	-----NBRUCR-----	
			Mean	SD
10	1	54	3.34214834	2.09402996
11	1	38	3.12121212	1.67768397
4	1	151	3.28749606	2.12131265
6	1	50	3.58576190	2.26118251
9	1	62	3.19826665	1.95329652
5	2	134	2.41316900	1.47961867
7	2	77	2.06709957	1.02747339
8	2	231	2.51605339	1.25581591

## Comparaison des moyennes -Test de la plus petite différence significative.

T tests (LSD) for variable: PUCRAM

Alpha= 0.05 df= 739 MSE= 0.020298  
Critical Value of T= 1.96  
Least Significant Difference= 0.0469  
WARNING: Cell sizes are not equal.  
Harmonic Mean of cell sizes= 71.19683

Means with the same letter are not significantly different.

T Grouping	Mean	N	ARBRE
A	0.53891	54	10
A			
A	0.53839	62	9
A			
B	0.51655	38	11
B			
B	0.47477	231	8
B			
B	0.47023	77	7
C			
C	0.45757	134	5
C			
C	0.45424	151	4
C			
C	0.43985	50	6

T tests (LSD) for variable: NBRUCR

NOTE: This test controls the type I comparisonwise error rate not the experimentwise error rate.

Alpha= 0.05 df= 739 MSE= 2.35771  
Critical Value of T= 1.96  
Least Significant Difference= 0.5052  
WARNING: Cell sizes are not equal.  
Harmonic Mean of cell sizes= 71.19683

Means with the same letter are not significantly different.

T Grouping	Mean	N	ARBRE
A	3.5858	50	6
A			
A	3.3421	54	10
A			
A	3.2875	151	4
A			
A	3.1983	62	9
A			
A	3.1212	38	11
B	2.5161	231	8
B			
B	2.4132	134	5
B			
B	2.0671	77	7

## RESUME

Les hévéas, *hevea Brasiliensis*, sont des arbres ayant une physionomie très allongée et dans certaines régions de culture, et en particulier en Côte-d'Ivoire, la casse au vent constitue la cause principale de diminution de la densité des parcelles. Cette étude de l'architecture a été réalisée sur des arbres adultes appartenant au clone GT1 réputé résistant et au clone PB235 sensible. Une première partie de ce travail comporte une analyse descriptive des arbres : elle présente la relation entre le développement du tronc et celui de la couronne et les différents types d'organisation de l'architecture autour du tronc. Une étude a ensuite été réalisée sur la répartition du volume à l'intérieur de la couronne. Elle montre que, pour les deux clones, le volume se répartie de façon sensiblement différente en fonction des ordres. Enfin une dernière partie a été consacrée à l'analyse de trois caractères quantitatifs associés à la dynamique de ramification des arbres : le pourcentage d'unités de croissance ramifiées par axe, le nombre de rameaux par unité de croissance et la longueur des rameaux. Pour ces deux derniers caractères des différences entre les deux clones ont été mises en évidence par des analyses de la variance. De plus une comparaison entre ces arbres et de jeunes arbres a pu être effectuée pour deux de ces caractères. Elle montre que ceux-ci semblent rester stable au cours du développement.

## ABSTRACT

Rubber trees, *Hevea brasiliensis*, are characterised by a very long shape and in some areas of cultivation, in particular in Côte d'Ivoire, wind damages appear to be the principal cause of the decrease of density plantations. This study of architecture has been realised on full-grown trees belonging to the clone GT1 which is known to be resistant and to the clone PB235 sensitive. A first part of this study contains a descriptive analysis of the trees: it shows the relation between the development of trunks and the one of crowns, and how architecture is organised around the trunk. An analysis has been then realised on the distribution of mass inside crows. It shows that the volume of wood is distributed in a slightly different ways between orders according to clones. And in a last part have been studied three characters linked with the dynamics of ramification: the percentage of ramified growth units by branches, the number of ramifications by growth units and the length of these ramifications. For the last two characters differences between clones have been brought out by analysis of deviance. Moreover a comparison between this trees and young one has been made for two of this characters. It shows that these ones seem to be constant along the development of trees.